

(19) RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
INSTITUT NATIONAL
DE LA PROPRIÉTÉ INDUSTRIELLE
PARIS

(11) Nº de publication :
(à n'utiliser que pour les
commandes de reproduction)

2 765 588

(21) Nº d'enregistrement national : 97 08816

(51) Int Cl⁶ : C 12 N 15/48, C 07 K 14/15, C 07 H 21/00, A 61 K 48/
00, C 12 Q 1/68

(12)

DEMANDE DE BREVET D'INVENTION

A1

(22) Date de dépôt : 07.07.97.

(30) Priorité :

(71) Demandeur(s) : BIO MERIEUX SOCIETE ANONYME
— FR.

(43) Date de mise à la disposition du public de la
demande : 08.01.99 Bulletin 99/01.

(56) Liste des documents cités dans le rapport de
recherche préliminaire : Se reporter à la fin du
présent fascicule

(60) Références à d'autres documents nationaux
apparentés :

(72) Inventeur(s) :

(73) Titulaire(s) :

(74) Mandataire(s) : GERMAIN ET MAUREAU.

(54) MATERIEL NUCLEIQUE RETROVIRAL ET FRAGMENTS NUCLEOTIDIQUES NOTAMMENT ASSOCIES A LA
SCLEROSE EN PLAQUES ET/OU LA POLYARTHRITE RHUMATOIDE, A DES FINS DE DIAGNOSTIC,
PROPHYLACTIQUES ET THERAPEUTIQUES.

(57) Matériel nucléique, à l'état isolé ou purifié, et fragment
nucléotidique, comprenant une séquence nucléotidique
choisie dans le groupe qui consiste en (i) les séquences
SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 117, SEQ
ID NO: 120, SEQ ID NO: 124, SEQ ID NO: 130, SEQ ID
NO: 141 et SEQ ID NO: 142; (ii) les séquences complémentaires
des séquences (i); et (iii) les séquences équivalentes
aux séquences (i) ou (ii), en particulier les séquences pré-
sentant pour toute suite de 100 monomères contigus, au
moins 50 %, et préférentiellement au moins 70 % d'homolo-
gique avec respectivement les séquences (i) ou (ii), et utilisa-
tions pour détecter un rétrovirus associé à la sclérose en
plaques et/ ou à la polyarthrite rhumatoïde.

FR 2 765 588 - A1



La Sclérose en Plaques (SEP) est une maladie démyélinisante du système nerveux central (SNC) dont la cause complète reste encore inconnue.

De nombreux travaux ont étayé l'hypothèse d'une étiologie virale de la maladie, mais aucun des virus connus testés ne s'est avéré être l'agent causal recherché: une revue des virus recherchés depuis des années dans la SEP a été faite par E. Norrby et R.T. Johnson.

Récemment, un rétrovirus, différent des rétrovirus humains connus a été isolé chez des patients atteints de SEP. Les auteurs ont aussi pu montrer que ce rétrovirus pouvait être transmis *in vitro*, que des patients atteints de SEP produisaient des anticorps susceptibles de reconnaître des protéines associées à l'infection des cellules leptoméningées par ce rétrovirus, et que l'expression de ce dernier pouvait être fortement stimulée par les gènes immédiats-précoce de certains herpesvirus.

Tous ces résultats plaident en faveur du rôle dans la SEP d'au moins un rétrovirus inconnu ou d'un virus ayant une activité transcriptase inverse (RT) détectable selon la méthode publiée par H. Perron et qualifiée d'activité "RT de type LM7".

Les travaux de la Demanderesse ont permis d'obtenir deux lignées continues de cellules infectées par des isolats naturels provenant de deux patients différents atteints de SEP, par un procédé de culture tel que décrit dans le document WO-A-93 20188, dont le contenu est incorporé par référence à la présente description. Ces deux lignées dérivées de cellules de plexus-choroïdes humains, dénommées LM7PC et PLI-2 ont été déposées à l'E.C.A.C.C. respectivement le 22 juillet 1992 et le 8 janvier 1993, sous les numéros 92 072201 et 93 010817, conformément aux dispositions du Traité de Budapest. Par ailleurs, les isolats viraux possédant une activité RT de type LM7 ont également été déposés à l'E.C.A.C.C. sous la

dénomination globale de "souches". La "souche" ou isolat hébergé par la lignée PLI-2, dénommée POL-2, a été déposée auprès de l'E.C.A.C.C. le 22 juillet 1992 sous le n° V92072202. La "souche" ou isolat hébergé par la lignée 5 LM7PC, dénommée MS7PG, a été déposée auprès de l'E.C.A.C.C. le 8 janvier 1993 sous le n° V93010816.

A partir des cultures et des isolats précités, caractérisés par des critères biologiques et morphologiques, on s'est ensuite attaché à caractériser le 10 matériel nucléique associé aux particules virales produites dans ces cultures.

Les portions de génome déjà caractérisées ont été utilisées pour mettre au point des tests de détection moléculaire du génome viral et des tests 15 immunosérologiques, utilisant les séquences d'aminoacides codées par les séquences nucléotidiques du génome viral, pour détecter la réponse immunitaire dirigée contre des épitopes associés à l'infection et/ou l'expression virale.

Ces outils ont déjà permis de confirmer une 20 association entre la SEP et l'expression des séquences identifiées dans les brevets cités plus loin. Cependant, le système viral découvert par la Demanderesse, s'apparente à un système rétroviral complexe. En effet, les séquences retrouvées encapsidées dans les particules 25 virales extracellulaires produites par les différentes cultures de cellules de patients atteints de SEP, montrent clairement qu'il y a co-encapsidation de génomes rétroviraux apparentés, mais différents du génome rétroviral "sauvage" qui produit les particules virales 30 infectantes. Ce phénomène a été observé entre des rétrovirus réplicatifs et des rétrovirus endogènes appartenant à la même famille, voire même hétérologues. La notion de rétrovirus endogène est très importante dans le contexte de notre découverte car, dans le cas de MSRV-1, 35 on a observé que des séquences rétrovirales endogènes comprenant des séquences homologues au génome MSRV-1,

existent dans l'ADN humain normal. L'existence d'éléments rétroviraux endogènes (ERV) apparentés à MSRV-1 par tout ou partie de leur génome, explique le fait que l'expression du rétrovirus MSRV-1 dans les cellules humaines puisse interagir avec des séquences endogènes proches. Ces interactions sont retrouvées dans le cas de rétrovirus endogènes pathogènes et/ou infectieux (par exemple certaines souches écotropes du Murine Leukaemia virus), dans le cas de rétrovirus exogènes dont la séquence nucléotidique peut être retrouvée partiellement ou en totalité, sous forme d'ERVs, dans le génome de l'animal hôte (ex. virus exogène de la tumeur mammaire de la souris transmis par le lait). Ces interactions consistent principalement en (i) une transactivation ou co-activation d'ERVs par le rétrovirus répliquant, (ii) une encapsidation "illégitime" d'ARN apparentés d'ERVs, ou d'ERVs -voire d'ARN cellulaires- possédant simplement des séquences d'encapsidation compatibles, dans les particules rétrovirales produites par l'expression de la souche répliquante, parfois transmissibles et parfois avec une pathogénicité propre, et (iii) des recombinaisons plus ou moins importantes entre les génomes co-encapsidés, notamment dans les phases de transcription inverse, qui conduisent à la formation de génomes hybrides, parfois transmissibles et parfois avec une pathogénicité propre.

Ainsi, (i) différentes séquences apparentées à MSRV-1 ont été retrouvées dans les particules virales purifiées; (ii) l'analyse moléculaire des différentes régions du génome rétroviral MSRV-1 doit être faite en analysant systématiquement les séquences co-encapsidées, interférantes et/ou recombinées qui sont générées par l'infection et/ou l'expression de MSRV-1, de plus, certains clones peuvent avoir des parties de séquences défectives produites par la réplication rétrovirale et les erreurs de matrice et/ou de transcription de la transcriptase inverse; (iii) les familles de séquences

apparentées à une même région génomique rétrovirale sont les supports d'une détection diagnostique globale qui peut être optimisée par l'identification de régions invariables parmi les clones exprimés et par l'identification de 5 trames de lectures responsables de la production de polypeptides antigéniques et/ou pathogènes qui peuvent n'être produits que par une partie, voire un seul, des clones exprimés et dans ces conditions, l'analyse systématique des clones exprimés dans une région d'un gène 10 donné permet d'évaluer la fréquence de variation et/ou de recombinaison du génome MSRV-1 dans cette région et de définir les séquences optimales pour les applications, notamment diagnostiques; (iv) la pathologie provoquée par un rétrovirus tel que MSRV-1 peut être un effet direct de 15 son expression et des protéines ou peptides produits de ce fait, mais aussi un effet de l'activation, de l'encapsidation, de la recombinaison de génomes apparentés ou hétérologues et des protéines ou peptides produits de ces faits ; ainsi ces génomes associés à l'expression de 20 et/ou l'infection par MSRV-1 sont-ils une partie intégrante de la pathogénicité potentielle de ce virus et donc, constituent des supports de détection diagnostique et des cibles thérapeutiques particulières. De même, tout agent associé à, ou, co-facteur de ces interactions 25 responsables de la pathogénie en cause, tel que MSRV-2 ou le facteur gliotoxique décrit dans la demande de brevet publiée sous le N° FR-2 716 198, peut participer à l'élaboration d'une stratégie globale et très efficace de diagnostic, de pronostic, de suivi thérapeutique et/ou de 30 thérapeutique intégrée de la SEP notamment, mais aussi de toute autre maladie associée aux mêmes agents.

Dans ce contexte, on a fait une découverte parallèle dans une autre maladie autoimmune, la polyarthrite rhumatoïde (PR), qui a été décrite dans la 35 demande de brevet français déposée sous le N°95 02960. Cette découverte montre que, en appliquant des approches

méthodologiques similaires à celles qui furent utilisées dans les travaux de la Demanderesse sur la SEP, on a pu identifier un rétrovirus exprimé dans la PR qui partage les séquences décrites pour MSRV-1 dans la SEP et aussi,

5 la co-existence d'une séquence associée MSRV-2 également décrite dans la SEP. En ce qui concerne MSRV-1, les séquences détectées communément dans la SEP et la PR, concernent les gènes *pol* et *gag*. En l'état actuel des connaissances, on peut associer les séquences *gag* et *pol*

10 décrites aux souches MSRV-1 exprimées dans ces deux maladies.

La présente demande de brevet a pour objet différents résultats, supplémentaires par rapport à ceux déjà protégés par les demandes de brevet français :

15 - N° 92 04322 du 03.04.1992, publiée sous le N° 2 689 519;

- N° 92 13447 du 03.11.1992, publiée sous le N° 2 689 521;

- N° 92 13443 du 03.11.1992, publiée sous le N° 2 689 520;

- N° 94 01529 du 04.02.1994, publiée sous le N° 2 715 936;

- N° 94 01531 du 04.02.1994, publiée sous le N° 2 715 939;

20 - N° 94 01530 du 04.02.1994, publiée sous le N° 2 715 936;

- N° 94 01532 du 04.02.1994, publiée sous le N° 2 715 937;

- N° 94 14322 du 24.11.1994, publiée sous le N° 2 727 428;

- N° 94 15810 du 23.12.1994, publiée sous le N° 2 728 585;

et

25 - la demande de brevet WO-97/06260.

La présente invention concerne tout d'abord un matériel nucléique, qui peut consister en un matériel rétroviral, à l'état isolé ou purifié, pouvant être appréhendé ou caractérisé de différentes manières :

30 - il comprend une séquence nucléotidique choisie dans le groupe qui consiste en (i) les séquences SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 124, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 141 et SEQ ID NO: 142 ; (ii) les séquences complémentaires aux séquences (i) ; et (iii) les séquences équivalentes aux séquences (i) ou (ii), en particulier les

séquences présentant pour toute suite de 100 monomères contigus, au moins 50 %, et préférentiellement au moins 70 % d'homologie avec respectivement les séquences (i) ou (ii);

5 - il code pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigue d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec une séquence peptidique choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 113, SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118,

10 SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137;

- son gène pol comprend une séquence nucléotidique identique ou équivalente à une séquence choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 124 et leurs séquences complémentaires;

15 - l'extrémité 5' de son gène pol commence au nucléotide 1419 de SEQ ID NO: 130;

- son gène pol code pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigue d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 %

20 d'homologie, avec la séquence peptidique SEQ ID NO: 113;

- l'extrémité 3' de son gène gag finit au nucléotide 1418 de SEQ ID NO: 130;

- son gène env comprend une séquence nucléotidique identique ou équivalente à une séquence choisie dans le

25 groupe qui consiste en SEQ ID NO: 117, et ses séquences complémentaires;

- son gène env comprend une séquence nucléotidique qui commence au nucléotide 1 de SEQ ID NO: 117 et finit au nucléotide au nucléotide 233 de SEQ ID NO: 114;

30 - son gène env code pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigue d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec la séquence SEQ ID NO: 118;

- la région U3R de son LTR 3' comprend une

35 séquence nucléotidique qui se termine au nucléotide 617 de SEQ ID NO: 114;

- la région RU5 de son LTR 5' comprend une séquence nucléotidique qui commence au nucléotide 755 de SEQ ID NO: 120 et finit au nucléotide 337 de SEQ ID NO: 141 ou SEQ ID NO: 142;

5 - un matériel nucléique rétroviral comprenant une séquence qui commence au nucléotide 755 de SEQ ID NO: 120 et qui se termine au nucléotide 617 de SEQ ID NO: 114;

10 - le matériel nucléique rétroviral tel que défini précédemment est en particulier associé à au moins une maladie auto-immune telle que la sclérose en plaques ou la polyarthrite rhumatoïde.

L'invention concerne aussi un fragment nucléotidique qui répond au moins à l'une des définitions suivantes :

15 - il comprend ou consiste en une séquence nucléotidique choisie dans le groupe qui consiste en (i) les séquences SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 124, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 141 et SEQ ID NO: 142 ; (ii) 20 les séquences complémentaires des séquences (i) ; et (iii) les séquences équivalentes aux séquences (i) ou (ii), en particulier les séquences présentant pour toute suite de 100 monomères contigus, au moins 50 %, et préférentiellement au moins 70 % d'homologie avec 25 respectivement les séquences (i) ou (ii);

- il comprend ou consiste en une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigue d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec une 30 séquence peptidique choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 113, SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137.

D'autres objets de la présente invention sont les suivants :

35 - une sonde nucléique pour la détection d'un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou la

polyarthrite rhumatoïde, susceptible de s'hybrider spécifiquement sur tout fragment précédemment défini et appartenant au génome dudit rétrovirus; elle possède avantageusement de 10 à 100 nucléotides, de préférence de

5 10 à 30 nucléotides;

- une amorce pour l'amplification par polymérisation d'un ARN ou d'un ADN d'un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou la polyarthrite rhumatoïde, qui comprend une séquence nucléotidique

10 identique ou équivalente à au moins une partie de la séquence nucléotidique d'un fragment défini précédemment, notamment une séquence nucléotidique présentant pour toute suite de 10 monomères contigus, au moins 50 %, de préférence au moins 70 % d'homologie avec au moins ladite

15 partie dudit fragment ; de préférence la séquence nucléotidique d'une amorce de l'invention est choisie parmi SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 122, SEQ ID NO: 123, SEQ ID NO: 126, SEQ ID NO: 127, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ ID NO: 132, et

20 SEQ ID NO: 133;

- un ARN ou ADN, et notamment vecteur de réPLICATION et/ou d'expression, comprenant un fragment génomique du matériel nucléique ou un fragment défini précédemment;

25 - un peptide codé par tout cadre de lecture ouvert appartenant à un fragment nucléotidique défini précédemment, notamment un polypeptide, par exemple oligopeptide formant ou comprenant un déterminant antigénique reconnu par des sera de patients infectés par

30 le virus MSRV-1, et/ou chez lesquels le virus MSRV-1 a été réactivé; un peptide préférentiel comprend une séquence identique, partiellement ou totalement, ou équivalente à une séquence choisie parmi SEQ ID NO: 113, SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 135 et

35 SEQ ID NO: 137;

- une composition diagnostique, prophylactique, ou thérapeutique, notamment pour inhiber l'expression d'au moins un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou à la polyarthrite rhumatoïde, comprenant un fragment 5 nucléotidique défini précédemment;

- un procédé pour détecter un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou à la polyarthrite rhumatoïde, dans un échantillon biologique, comprenant les étapes consistant à mettre en contact un ARN et/ou un ADN présumé 10 appartenir ou provenant dudit rétrovirus, ou leur ARN et/ou ADN complémentaire, avec une composition comprenant un fragment nucléotidique défini ci-dessus.

Avant de détailler l'invention, différents termes utilisés dans la description et les revendications sont à 15 présent définis :

- par souche ou isolat, on entend toute fraction biologique infectante et/ou pathogène, contenant par exemple des virus et/ou des bactéries et/ou des parasites, générant un pouvoir pathogène et/ou antigénique, hébergée 20 par une culture ou un hôte vivant ; à titre d'exemple, une souche virale selon la définition précédente peut contenir un agent co-infectant, par exemple un protiste pathogène,

- le terme "MSRV" utilisé dans la présente description désigne tout agent pathogène et/ou infectant, 25 associé à la SEP, notamment une espèce virale, les souches atténuées de ladite espèce virale, ou les particules défectives interférentes ou contenant des génomes co-encapsidés ou encore des génomes recombinés avec une partie du génome MSRV-1, dérivées de cette espèce. Il est 30 connu que les virus et particulièrement les virus contenant de l'ARN ont une variabilité, consécutive notamment à des taux relativement élevés de mutation spontanée, dont il sera tenu compte ci-après pour définir la notion d'équivalence,

35 - par virus humain, on entend un virus susceptible d'infecter ou d'être hébergé par l'être humain,

- compte tenu de toutes les variations et/ou recombinaison naturelles ou induites, pouvant être rencontrées dans la pratique de la présente invention, les objets de cette dernière, définis ci-dessus et dans les 5 revendications, ont été exprimés en comprenant les équivalents ou dérivés des différents matériels biologiques définis ci-après, notamment des séquences homologues nucléotidiques ou peptidiques,

- le variant d'un virus ou d'un agent pathogène 10 et/ou infectant selon l'invention, comprend au moins un antigène reconnu par au moins un anticorps dirigé contre au moins un antigène correspondant dudit virus et/ou dudit agent pathogène et/ou infectant, et/ou un génome dont toute partie est détectée par au moins une sonde 15 d'hybridation, et/ou au moins une amorce d'amplification nucléotidique spécifique dudit virus et/ou agent pathogène et/ou infectant, dans des conditions d'hybridation déterminées bien connues de l'homme de l'art,

- selon l'invention, un fragment nucléotidique ou 20 un oligonucléotide ou un polynucléotide est un enchaînement de monomères, ou un biopolymère, caractérisé par la séquence informationnelle des acides nucléiques naturels, susceptible de s'hybrider à tout autre fragment nucléotidique dans des conditions prédéterminées,

25 l'enchaînement pouvant contenir des monomères de structures chimiques différentes et être obtenu à partir d'une molécule d'acide nucléique naturelle et/ou par recombinaison génétique et/ou par synthèse chimique ; un fragment nucléotidique peut être identique à un fragment 30 génomique du virus MSRV-1 considéré par la présente invention, notamment un gène de ce dernier, par exemple pol ou env dans le cas dudit virus ;

- ainsi un monomère peut être un nucléotide naturel d'acide nucléique, dont les éléments constitutifs 35 sont un sucre, un groupement phosphate et une base azotée; dans l'ARN le sucre est le ribose, dans l'ADN le sucre est

le désoxy-2-ribose; selon qu'il s'agit de l'ADN ou l'ARN, la base azotée est choisie parmi l'adénine, la guanine, l'uracile, la cytosine, la thymine; ou le nucléotide peut être modifié dans l'un au moins des trois éléments 5 constitutifs ; à titre d'exemple, la modification peut intervenir au niveau des bases, générant des bases modifiées telles que l'inosine, la méthyl-5-désoxycytidine, la désoxyuridine, la diméthylamino-5-désoxyuridine, la diamino-2,6-purine, la 10 bromo-5-désoxyuridine et toute autre base modifiée favorisant l'hybridation; au niveau du sucre, la modification peut consister dans le remplacement d'au moins un désoxyribose par un polyamide, et au niveau du groupement phosphate, la modification peut consister dans 15 son remplacement par des esters, notamment choisis parmi les esters de diphosphate, d'alkyl et arylphosphonate et de phosphorothioate,

- par "séquence informationnelle", on entend toute suite ordonnée de monomères, dont la nature chimique et 20 l'ordre dans un sens de référence, constituent ou non une information fonctionnelle de même qualité que celle des acides nucléiques naturels,

- par hybridation, on entend le processus au cours duquel, dans des conditions opératoires appropriées, deux 25 fragments nucléotidiques, ayant des séquences suffisamment complémentaires, s'apparentent pour former une structure complexe, notamment double ou triple, de préférence sous forme d'hélice,

- une sonde comprend un fragment nucléotidique 30 synthétisé par voie chimique ou obtenu par digestion ou coupure enzymatique d'un fragment nucléotidique plus long, comprenant au moins six monomères, avantageusement de 10 à 100 monomères, de préférence 10 à 30 monomères, et possédant une spécificité d'hybridation dans des 35 conditions déterminées ; de préférence, une sonde possédant moins de 10 monomères n'est pas utilisée seule,

mais l'est en présence d'autres sondes de taille aussi courte ou non ; dans certaines conditions particulières, il peut être utile d'utiliser des sondes de taille supérieure à 100 monomères ; une sonde peut notamment être 5 utilisée à des fins de diagnostic et il s'agira par exemple de sondes de capture et/ou de détection,

- la sonde de capture peut être immobilisée sur un support solide par tout moyen approprié, c'est-à-dire directement ou indirectement, par exemple par covalence ou 10 adsorption passive,
- la sonde de détection peut être marquée au moyen d'un marqueur choisi notamment parmi les isotopes radioactifs, des enzymes notamment choisis parmi la peroxydase et la phosphatase alcaline et ceux susceptibles 15 d'hydrolyser un substrat chromogène, fluorogène ou luminescent, des composés chimiques chromophores, des composés chromogènes, fluorogènes ou luminescents, des analogues de bases nucléotidiques, et la biotine,
- les sondes utilisées à des fins de diagnostic de 20 l'invention peuvent être mises en oeuvre dans toutes les techniques d'hybridation connues, et notamment les techniques dites "DOT-BLOT", "SOUTHERN BLOT", "NORTHERN BLOT" qui est une technique identique à la technique "SOUTHERN BLOT" mais qui utilise de l'ARN comme cible, la 25 technique SANDWICH ; avantageusement, on utilise la technique SANDWICH dans la présente invention, comprenant une sonde de capture spécifique et/ou une sonde de détection spécifique, étant entendu que la sonde de capture et la sonde de détection doivent présenter une 30 séquence nucléotidique au moins partiellement différente,
- toute sonde selon la présente invention peut s'hybrider in vivo ou in vitro sur l'ARN et/ou sur l'ADN, pour bloquer les phénomènes de réPLICATION, notamment traduction et/ou transcription, et/ou pour dégrader ledit 35 ADN et/ou ARN,

- une amorce est une sonde comprenant au moins six monomères, et avantageusement de 10 à 30 monomères, possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées, pour l'initiation d'une

5 polymérisation enzymatique, par exemple dans une technique d'amplification telle que la PCR (Polymerase Chain Reaction), dans un procédé d'elongation, tel que le séquençage, dans une méthode de transcription inverse ou analogue,

10 - deux séquences nucléotidiques ou peptidiques sont dites équivalentes ou dérivées l'une par rapport à l'autre, ou par rapport à une séquence de référence, si fonctionnellement les biopolymères correspondants peuvent jouer sensiblement le même rôle, sans être identiques,

15 vis-à-vis de l'application ou utilisation considérée, ou dans la technique dans laquelle elles interviennent ; sont notamment équivalentes deux séquences obtenues du fait de la variabilité naturelle, notamment mutation spontanée de l'espèce à partir de laquelle elles ont été identifiées,

20 ou induite, ainsi que deux séquences homologues, l'homologie étant définie ci-après,

- par "variabilité", on entend toute modification, spontanée ou induite d'une séquence, notamment par substitution, et/ou insertion, et/ou délétion de

25 nucléotides et/ou de fragments nucléotidiques, et/ou extension et/ou racourcissement de la séquence à l'une au moins des extrémités; une variabilité non naturelle peut résulter des techniques de génie génétique utilisées, par exemple du choix des amorces de synthèse dégénérées ou

30 non, retenues pour amplifier un acide nucléique; cette variabilité peut se traduire par des modifications de toute séquence de départ, considérée comme référence, et pouvant être exprimées par un degré d'homologie par rapport à ladite séquence de référence,

35 - l'homologie caractérise le degré d'identité de deux fragments nucléotidiques ou peptidiques comparés ;

elle se mesure par le pourcentage d'identité qui est notamment déterminé par comparaison directe de séquences nucléotidiques ou peptidiques, par rapport à des séquences nucléotidiques ou peptidiques de référence,

5 - tout fragment nucléotidique est dit équivalent ou dérivé d'un fragment de référence, s'il présente une séquence nucléotidique équivalente à la séquence du fragment de référence ; selon la définition précédente, sont notamment équivalents à un fragment nucléotidique de
10 référence :

(a) tout fragment susceptible de s'hybrider au moins partiellement avec le complément du fragment de référence,

15 (b) tout fragment dont l'alignement avec le fragment de référence conduit à mettre en évidence des bases contigues identiques, en nombre plus important qu'avec tout autre fragment provenant d'un autre groupe taxonomique,

20 (c) tout fragment résultant ou pouvant résulter de la variabilité naturelle de l'espèce, à partir de laquelle il est obtenu,

(d) tout fragment pouvant résulter des techniques de génie génétique appliquées au fragment de référence,

25 (e) tout fragment, comportant au moins huit nucléotides contigus, codant pour un peptide homologue ou identique au peptide codé par le fragment de référence,

30 (f) tout fragment différent du fragment de référence, par insertion, délétion, substitution d'au moins un monomère, extension, ou raccourcissement à l'une au moins de ses extrémités ; par exemple, tout fragment correspondant au fragment de référence, flanqué à l'une au moins de ses extrémités par une séquence nucléotidique ne codant pas pour un polypeptide,

35 - par polypeptide, on entend notamment tout peptide d'au moins deux acides aminés, notamment oligopeptide, protéine, extrait, séparé, ou

substantiellement isolé ou synthétisé, par l'intervention de la main de l'homme, notamment ceux obtenus par synthèse chimique, ou par expression dans un organisme recombinant,

5 - par polypeptide codé de manière partielle par un fragment nucléotidique, on entend un polypeptide présentant au moins trois acides aminés codés par au moins neuf monomères contigus compris dans ledit fragment nucléotidique,

10 - un acide aminé est dit analogue à un autre acide aminé, lorsque leur caractéristiques physico-chimiques respectives, telles que polarité, hydrophobicité, et/ou basicité, et/ou acidité, et/ou neutralité, sont sensiblement les mêmes ; ainsi, une leucine est analogue à une isoleucine.

15 - tout polypeptide est dit équivalent ou dérivé d'un polypeptide de référence, si les polypeptides comparés ont sensiblement les mêmes propriétés, et notamment les mêmes propriétés antigéniques, immunologiques, enzymologiques et/ou de reconnaissance moléculaire ; est notamment équivalent à un polypeptide de référence :

(a) tout polypeptide possédant une séquence dont au moins un acide aminé a été substitué par un acide aminé analogue,

25 (b) tout polypeptide ayant une séquence peptidique équivalente, obtenue par variation naturelle ou induite dudit polypeptide de référence, et/ou du fragment nucléotidique codant pour ledit polypeptide,

(c) un mimotope dudit polypeptide de référence,

30 (d) tout polypeptide dans la séquence duquel un ou plusieurs acides aminés de la série L sont remplacés par un acide aminé de la série D, et vice versa,

(e) tout polypeptide dans la séquence duquel on a introduit une modification des chaînes latérales des 35 acides aminés, telle que par exemple une acétylation des

fonctions amines, une carboxylation des fonctions thiol, une estérification des fonctions carboxyliques,

5 (f) tout polypeptide dans la séquence duquel une ou des liaisons peptidiques ont été modifiées, comme par exemple les liaisons carba, rétro, inverso, rétro-inverso, réduites, et méthylène-oxy,

(g) tout polypeptide dont au moins un antigène est reconnu par anticorps dirigé contre un polypeptide de référence,

10 - le pourcentage d'identité caractérisant l'homologie de deux fragments peptidiques comparés est selon la présente invention d'au moins 50% et de préférence au moins 70 %.

Etant donné qu'un virus possédant une activité 15 enzymatique transcriptase inverse peut être génétiquement caractérisé aussi bien sous forme d'ARN que d'ADN, il sera fait mention aussi bien de l'ADN que de l'ARN viral pour caractériser les séquences relatives à un virus possédant une telle activité transcriptase inverse, dit MSRV-1 selon 20 la présente description.

Les expressions d'ordre utilisées dans la présente description et les revendications, telles que "première séquence nucléotidique" ne sont pas retenues pour exprimer un ordre particulier, mais pour définir plus clairement 25 l'invention.

Par détection d'une substance ou agent, on entend ci-après aussi bien une identification, qu'une quantification, ou une séparation ou isolement de ladite substance ou dudit agent.

30 L'invention sera mieux comprise à la lecture de la description détaillée qui va suivre faite en référence aux figures annexées dans lesquelles :

La Figure 1 représente la structure générale de l'ADN proviral et l'ARN génomique de MSRV-1.

35 La Figure 2 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé CL6-5' (SEQ ID NO: 112) et trois trames

de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 3 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé CL6-3' (SEQ ID NO: 114) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 4 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé C15 (SEQ ID NO: 117) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 5 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé 5M6 (SEQ ID NO: 120) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 6 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé CL2 (SEQ ID NO: 130) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 7 représente trois trames de lecture potentielles en acides aminés exprimées par pET28C-clone 2 et figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 8 représente trois trames de lecture potentielles en acides aminés exprimées par pET21C-clone 2 et figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 9 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé LB13 (SEQ ID NO: 141) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 10 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé LA15 (SEQ ID NO: 142) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

La Figure 11 représente la séquence nucléotidique du clone dénommé LB16 (SEQ ID NO: 124) et trois trames de lecture potentielles en acides aminés figurant sous la séquence nucléotidique.

EXEMPLE 1 : OBTENTION D'UNE REGION CL6-5' CODANT POUR L'EXTREMITE N-TERMINALE DE L'INTEGRASE ET D'UNE REGION CL6-3' CONTENANT LA SEQUENCE 3' TERMINALE DU GENOME MSRV-1

5

Une 3'RACE a été effectuée sur de l'ARN total extrait de plasma d'un patient atteint de SEP. Un plasma témoin sain, traité sous les mêmes conditions, a été utilisé comme contrôle négatif. La synthèse de cDNA a été réalisée avec une amorce oligo dT identifiée par SEQ ID NO: 68 (5' GAC TCG CTG CAG ATC GAT TTT TTT TTT TTT TTT T 3') et la transcriptase inverse "ExpandTM RT" de Boehringer selon les conditions préconisées par la société. Une PCR a été effectuée avec l'enzyme Klentaq (Clontech) sous les conditions suivantes : 94°C 5 min puis 93°C 1 min, 58°C 1 min, 68°C 3 min pendant 40 cycles et 68°C pendant 8 min, avec un volume réactionnel final de 50 µl.

10

15

Amorces utilisées pour la PCR:

20 - amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 69
 5' GCC ATC AAG CCA CCC AAG AAC TCT TAA CTT 3' ;
 - amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 68

Une deuxième PCR dite "semi-nichée" a été réalisée avec une amorce 5' située à l'intérieur de la région déjà amplifiée. Cette deuxième PCR a été effectuée sous les mêmes conditions expérimentales que celles utilisées lors de la première PCR, en utilisant 10 µl du produit d'amplification issu de la première PCR.

25

Amorces utilisées pour la PCR semi-nichée:

30 - amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 70
 5' CCA ATA GCC AGA CCA TTA TAT ACA CTA ATT 3' ;
 - amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 68

Les amorces SEQ ID NO: 69 et SEQ ID NO: 70 sont spécifiques de la région pol de MSRV-1.

35

Un produit d'amplification de 1,9Kb a été obtenu pour le plasma de patient SEP. Le fragment correspondant

n'a pas été observé pour le plasma témoin sain. Ce produit d'amplification a été cloné de la façon suivante :

l'ADN amplifié a été inséré dans un plasmide à l'aide du kit TA Cloning®. Les 2 µl de solution d'ADN ont été 5 mélangés avec 5 µl d'eau distillée stérile, 1µl d'un tampon de ligation 10 fois concentré "10X LIGATION BUFFER", 2 µl de "PCR™ VECTOR" (25 ng/ml) et 1 µl de "T4 DNA LIGASE". Ce mélange a été incubé une nuit à 12°C. Les étapes suivantes ont été réalisées conformément aux 10 instructions du kit TA Cloning® (Invitrogen). A la fin de la procédure, les colonies blanches de bactéries recombinantes (white) ont été repiquées pour être cultivées et permettre l'extraction des plasmides incorporés selon la procédure dite de "miniprep". La 15 préparation de plasmide de chaque colonie recombinante a été coupée par une enzyme de restriction appropriée et analysée sur gel d'agarose. Les plasmides possédant un insert détecté sous lumière UV après marquage du gel au bromure d'éthidium, ont été sélectionnés pour le 20 séquençage de l'insert, après hybridation avec une amorce complémentaire du promoteur Sp6 présent sur le plasmide de clonage du TA cloning kit®. La réaction préalable au séquençage a ensuite été effectuée selon la méthode préconisée pour l'utilisation du kit de séquençage 25 "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™ Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les appareils 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les instructions du fabricant.

30 Le clone obtenu, contient une région CL6-5' codant pour l'extrémité N terminale de l'intégrase et une région CL6-3', correspondant à la région 3' terminale de MSRV-1 et permettant de définir la fin de l'enveloppe (234 pb) et les régions U3, R (401 pb) du rétrovirus MSRV1.

35 La région correspondant à l'extrémité N terminale de l'intégrase est représentée par sa séquence

nucléotidique (SEQ ID NO: 112) dans la figure 1. Les trois trames de lecture potentielles sont présentées par leur séquence aminoacide sous la séquence nucléotidique, et la séquence aminoacide de l'extrémité N-terminale de
5 l'intégrase est identifiée par SEQID NO: 113.

La région C16-3' est représentée par sa séquence nucléotidique (SEQ ID NO: 114) dans la figure 3. Les trois trames de lecture potentielles sont présentées par leur séquence aminoacide sous la séquence nucléotidique. Une
10 séquence aminoacide correspondant à l'extrémité C-terminale de la protéine env de MSRV-1 est identifiée par SEQ ID NO: 115.

EXEMPLE 2 : OBTENTION DU CLONE C15 CONTENANT LA REGION
15 CODANT POUR UNE PARTIE DE L'ENVELOPPE DU RETROVIRUS MSRV-1

Une RT-PCR a été effectuée sur de l'ARN total extrait de virions concentrés par ultracentrifugation à partir d'un surnageant de culture de synoviocytes
20 provenant d'un patient PR. La synthèse de cDNA a été réalisée avec une amorce oligo dT et la transcriptase inverse "ExpandTM RT" de Boehringer selon les conditions préconisées par la société. Une PCR a été effectuée avec l'ExpandTM Long Template PCR System (Boehringer) sous les
25 conditions suivantes : 94°C 5 min puis 93°C 1 min, 60°C 1 min, 68°C 3 min pendant 40 cycles et 68°C pendant 8 min et avec un volume réactionnel final de 50 µl.

Amorces utilisées pour la PCR:

- amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 69
- 30 5' GCC ATC AAG CCA CCC AAG AAC TCT TAA CTT 3' ;
- amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 116
- 5' TGG GGT TCC ATT TGT AAG ACC ATC TGT AGC TT 3'

Une deuxième PCR dite "semi-nichée" a été réalisée avec une amorce 5' située à l'intérieur de la
35 région déjà amplifiée. Cette deuxième PCR a été effectuée sous les mêmes conditions expérimentales que celles

utilisées lors de la première PCR (sauf que 30 cycles ont été réalisés au lieu de 40), en utilisant 10 µl du produit d'amplification issu de la première PCR.

Amorces utilisées pour la PCR semi-nichée:

5 - amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 70
5' CCA ATA GCC AGA CCA TTA TAT ACA CTA ATT 3' ;
- amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 116

Les amorces SEQ ID NO: 69 et SEQ ID NO: 70 sont spécifiques de la région pol de MSRV-1. L'amorce SEQ ID 10 NO: 116 est spécifique de la séquence FBd13 (aussi dénommée B13) et est localisée dans la région env conservée parmi les oncorétrovirus.

Un produit d'amplification de 1932 pb a été obtenu et cloné de la façon suivante :

15 l'ADN amplifié a été inséré dans un plasmide à l'aide du kit TA Cloning®. Les différentes étapes ont été réalisées conformément aux instructions du kit TA Cloning® (Invitrogen). A la fin de la procédure, les colonies blanches de bactéries recombinantes (white) ont été 20 repiquées pour être cultivées et permettre l'extraction des plasmides incorporés selon la procédure dite de "miniprep". La préparation de plasmide de chaque colonie recombinante a été coupée par une enzyme de restriction appropriée et analysée sur gel d'agarose. Les plasmides 25 possédant un insert détecté sous lumière UV après marquage du gel au bromure d'éthidium, ont été sélectionnés pour le séquençage de l'insert, après hybridation avec une amorce complémentaire du promoteur SP6 présent sur le plasmide de clonage du TA cloning kit®. La réaction préalable au 30 séquençage a ensuite été effectuée selon la méthode préconisée pour l'utilisation du kit de séquençage "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™ Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les appareils 35 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les instructions du fabricant.

Le clone C15 obtenu, contient une région correspondant à la région de l'enveloppe de MSRV-1, de 1481 pb.

La région env du clone C15 est représentée par sa 5 séquence nucléotidique (SEQ ID NO: 117) dans la figure 5. Les trois trames de lecture potentielles de ce clone sont présentées par leur séquence aminoacide sous la séquence nucléotidique. La trame de lecture correspondant à une protéine env structurale MSRV-1 est identifiée par 10 SEQ ID NO: 118.

EXEMPLE 3 : OBTENTION D'UN CLONE 5M6 CONTENANT LES SEQUENCES DE LA REGION 3' TERMINALE DE L'ENVELOPPE, SUIVIES DES SEQUENCES U3,R,U5 DE TYPE PROVIRAL MSRV-1.

15

Une PCR monodirectionnelle a été effectuée sur de l'ADN extrait de lymphocytes B immortalisés en culture d'un patient PR. La PCR a été effectuée avec l'ExpandTM Long Template PCR System (Boehringer) sous les conditions suivantes : 94°C 3 min puis 93°C 1 min, 60°C 1 min, 68°C 3 min pendant 10 cycles , puis 93°C 1 min, 60°C 1 min avec 20 15 sec d'extension à chaque cycle, 68°C 3 min pendant 35 cycles et 68°C pendant 7 min et avec un volume réactionnel final de 50 µl.

25

L'amorce utilisée pour la PCR identifiée par SEQ ID NO: 119 est 5' TCA AAA TCG AAG AGC TTT AGA CTT GCT AAC CG 3' ;

L'amorce SEQ ID NO: 119 est spécifique de la région env du clone C15.

30

Un produit d'amplification de 1673 pb a été obtenu et cloné de la façon suivante :

l'ADN amplifié a été inséré dans un plasmide à l'aide du kit TA Cloning®. Les différentes étapes ont été réalisées conformément aux instructions du kit TA Cloning® 35 (Invitrogen). A la fin de la procédure, les colonies blanches de bactéries recombinantes (white) ont été

repiquées pour être cultivées et permettre l'extraction des plasmides incorporés selon la procédure dite de "miniprep". La préparation de plasmide de chaque colonie recombinante a été coupée par une enzyme de restriction appropriée et analysée sur gel d'agarose. Les plasmides possédant un insert détecté sous lumière UV après marquage du gel au bromure d'éthidium, ont été sélectionnés pour le séquençage de l'insert, après hybridation avec une amorce complémentaire du promoteur T7 présent sur le plasmide de clonage du TA cloning kit®. La réaction préalable au séquençage a ensuite été effectuée selon la méthode préconisée pour l'utilisation du kit de séquençage "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™ Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les appareils 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les instructions du fabricant.

Le clone 5M6 obtenu, contient une région correspondant à la région 3' de l'enveloppe de MSRV-1, de 492 pb suivi des régions U3, R et U5 (837 pb) de MSRV1.

Le clone 5M6 est représenté par sa séquence nucléotidique (SEQ ID NO: 120) dans la figure 7. Les trois trames de lecture potentielles de ce clone sont présentées par leur séquence aminoacide sous la séquence nucléotidique. La trame de lecture correspondant à l'extrémité C-terminale de la protéine env MSRV-1 est identifiée par SEQ ID NO: 121.

EXAMPLE 4 : OBTENTION DU CLONE LB16 CONTENANT LA REGION CODANT L'INTEGRASE DU RETROVIRUS MSRV-1

Une RT-PCR a été effectuée sur de l'ARN total traité à la DNaseI et extrait à partir d'un plexus choroïde provenant d'un patient SEP. La synthèse de cDNA a été réalisée avec une amorce oligo dT et la transcriptase inverse "Expand™ RT" de Boehringer selon les conditions préconisées par la société. Un contrôle "no RT" a été

effectué parallèlement sur le même matériel. Une PCR a été effectuée avec la Taq polymerase (Perkin Elmer) sous les conditions suivantes : 95°C 5 min puis 95°C 1 min, 55°C 1 min, 72°C 2 min pendant 35 cycles et 72°C pendant 8 min et 5 avec un volume réactionnel final de 50 µl.

Amorces utilisées pour la PCR:

- amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 122

5' GGC ATT GAT AGC ACC CAT CAG 3' ;

- amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 123

10 5' CAT GTC ACC AGG GTG GAA TAG 3'

L'amorce SEQ ID NO: 122 est spécifique de la région pol de MSRV-1 et plus précisément similaire à la région intégrase décrite précédemment. L'amorce SEQ ID NO 123 a été définie sur des séquences des clones 15 obtenus lors d'essais préalables.

Un produit d'amplification d'environ 760 pb a été obtenu uniquement dans l'essai avec RT et a été cloné de la façon suivante :

l'ADN amplifié a été inséré dans un plasmide à l'aide du 20 kit TA Cloning®. Les différentes étapes ont été réalisées conformément aux instructions du kit TA Cloning® (Invitrogen). A la fin de la procédure, les colonies blanches de bactéries recombinantes (white) ont été repiquées pour être cultivées et permettre l'extraction 25 des plasmides incorporés selon la procédure dite de "miniprep". La préparation de plasmide de chaque colonie recombinante a été coupée par une enzyme de restriction appropriée et analysée sur gel d'agarose. Les plasmides possédant un insert détecté sous lumière UV après marquage 30 du gel au bromure d'éthidium, ont été sélectionnés pour le séquençage de l'insert, après hybridation avec une amorce complémentaire du promoteur T7 présent sur le plasmide de clonage du TA cloning kit®. La réaction préalable au séquençage a ensuite été effectuée selon la méthode 35 préconisée pour l'utilisation du kit de séquençage "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™

"Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les appareils 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les instructions du fabricant.

5 Le clone LB16 obtenu, contient les séquences correspondant à l'intégrase. La séquence nucléotidique de ce clone est identifiée par SEQ ID NO: 124 sur la figure 11, trois trames de lecture sont déterminées.

10 EXEMPLE 5: OBTENTION D'UN CLONE 2, CL2, CONTENANT EN 3' UNE PARTIE HOMOLOGUE AU GENE POL, CORRESPONDANT AU GENE PROTEASE, ET AU GENE GAG (GM3) CORRESPONDANT A LA NUCLEOCAPSIDE, ET UNE NOUVELLE REGION 5' CODANTE, CORRESPONDANT AU GENE GAG PLUS SPECIFIQUEMENT LA MATRICE 15 ET LA CAPSIDE de MSRV-1.

Une amplification par PCR a été effectuée sur de l'ARN total extrait à partir de 100 µl de plasma d'un patient atteint de SEP. Un témoin eau, traité sous les 20 mêmes conditions, a été utilisé comme contrôle négatif. La synthèse de cDNA a été réalisée avec 300 pmole d'une amorce aléatoire (GIBCO-BRL, France) et la transcriptase inverse "Expand RT" (BOEHRINGER MANNHEIM, France) selon les conditions préconisées par la société. Une 25 amplification par PCR ("polymerase chain reaction") a été effectuée avec l'enzyme Taq polymerase (Perkin Elmer, France) en utilisant 10 µl de cDNA sous les conditions suivantes: 94°C 2 min, 55°C 1 min, 72°C 2 min puis 94°C 1 min, 55°C 1 min, 72°C 2 min pendant 30 cycles et 72°C 30 pendant 7 min et avec un volume réactionnel final de 50 µl.

Amorces utilisées pour l'amplification par PCR:

- amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 126
- 5' CGG ACA TCC AAA GTG ATG GGA AAC G 3' ;
- 35 - amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 127
- 5' GGA CAG GAA AGT AAG ACT GAG AAG GC 3'

Une deuxième amplification par PCR dite "semi-nichée" a été réalisée avec une amorce 5' située à l'intérieur de la région déjà amplifiée. Cette deuxième PCR a été effectuée sous les mêmes conditions expérimentales que celles utilisées lors de la première PCR, en utilisant 10 µl du produit d'amplification issu de la première PCR.

Amorces utilisées pour l'amplification par PCR semi-nichée:

10 - amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 128
 5' CCT AGA ACG TAT TCT GGA GAA TTG GG 3' ;
 - amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 129
 5' TGG CTC TCA ATG GTC AAA CAT ACC CG 3'

Les amorces SEQ ID NO: et SEQ ID NO: sont spécifiques de la région pol, clone G+E+A, plus spécifiquement la région E: position nucleotidique n° 423 à n° 448. Les amorces utilisées dans la région 5' ont été définies sur des séquences de clones obtenus lors d'essais préalables.

20 Un produit d'amplification de 1511 pb a été obtenu à partir de l'ARN extrait du plasma de patient SEP. Le fragment correspondant n'a pas été observé pour le témoin eau. Ce produit d'amplification a été cloné de la façon suivante.

25 L'ADN amplifié a été inséré dans un plasmide à l'aide du kit TA Cloning™. Les 2 µl de solution d'ADN ont été mélangés avec 5 µl d'eau distillée stérile, 1 µl d'un tampon de ligation 10 fois concentré "10X LIGATION BUFFER", 2 µl de "PCR™ VECTOR" (25 ng/ml) et 1 µl de "T4 DNA LIGASE". Ce mélange a été incubé une nuit à 14°C. Les étapes suivantes ont été réalisées conformément au instructions du kit TA Cloning® (Invitrogen). Le mélange a été étalé après transformation de la ligation dans des bactéries *E. coli* INVαF'. A la fin de la procédure, les 35 colonies blanches de bactéries recombinantes ont été repiquées pour être cultivées et permettre l'extraction

des plasmides incorporés selon la procédure dite de "minipréparation d'ADN" (17). La préparation de plasmide de chaque colonie recombinante a été coupée par l'enzyme de restriction Eco RI et analysée sur gel d'agarose. Les 5 plasmides possédant un insert détecté sous lumière UV après marquage du gel au bromure d'éthidium, ont été sélectionnés pour le séquençage de l'insert, après hybridation avec une amorce complémentaire du promoteur T7 présent sur le plasmide de clonage du TA cloning kit®. La 10 réaction préalable au séquençage a ensuite été effectuée selon la méthode préconisée pour l'utilisation du kit de séquençage "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™ Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les 15 appareils 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les instructions du fabricant.

Le clone obtenu, dénommé CL2, contient une région C-terminale similaire à la région 5' terminale des clones G+E+A de MSRV-1, qui permet de définir la région C- 20 terminale du gène gag et une nouvelle région correspondante à la région N-terminale du gène gag MSRV-1.

CL2 permet de définir une région de 1511 pb présentant une phase ouverte de lecture dans la région N-terminale de 1077 pb codante pour 359 acides aminés et une 25 phase non-ouverte de lecture, de 454 pb, correspondant à la région C-terminale du gène gag MSRV-1.

La séquence nucléotidique de CL2 est identifiée par SEQ ID NO: 130. Elle est représentée à la figure XX3,1, avec les trames de lecture potentielles en 30 aminoacide.

Le fragment de 1077 pb de CL2 codant pour 359 acides aminés a été amplifié par PCR avec l'enzyme *Pwo* (5U/ μ l) (Boehringer Mannheim, France) en utilisant 1 μ l de la minipréparation de l'ADN du clone 2 sous les conditions 35 suivantes : 95°C 1 min, 60°C 1 min, 72°C 2 min pendant 25

cycles et avec un volume réactionnel final de 50 µl à l'aide des amorcees:

- amorce 5' (*Bam* HI), identifié par SEQ ID NO: 132
- 5' TGC TGG AAT TCG GGA TCC TAG AAC GTA TTC 3' (30 mer), et
- 5 - amorce 3' (*Hind* III), identifié par SEQ ID NO: 133
- 5 AGT TCT GCT CCG AAG CTT AGG CAG ACT TTT 3' (30 mer)

correspondant, respectivement, à la séquence nucléotidique du clone 2 en position -9 à 21 et 1066 à 1095.

Le fragment obtenu après PCR, a été linéarisé par

10 *Bam* HI et *Hind* III et sous-cloné dans les vecteurs d'expression pET28C et pET21C (NOVAGEN) linéarisé par *Bam* HI et *Hind* III. Le séquençage de l'ADN du fragment de 1077 pb du clone 2 dans les deux vecteurs d'expression a été réalisé selon la méthode préconisée pour l'utilisation du

15 kit de séquençage "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™ Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les appareils 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les instructions du fabricant.

20 L'expression de la séquence nucléotidique du fragment de 1077 pb du clone 2 par les vecteurs d'expression pET28C et pET21C sont identifiées par respectivement SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137.

25 **EXEMPLE 6:** EXPRESSION DU CLONE 2 CHEZ *ESCHERICHIA COLI*

Les constructions pET28c-clone 2 (1077 pb) et pET21C-clone 2 (1077 pb) synthétisent, dans la souche bactérienne BL21 (DE3), une protéine en fusion N- et C-terminale pour le vecteur pET28C et C-Terminale pour le vecteur pET21C avec 6 Histidines, de masse moléculaire apparente d'environ 45 kDa, mise en évidence par électrophorèse sur gel de polyacrylamide SDS-PAGE (SDS = Dodecyl Sulfate de Sodium) (Laemmli, 1970 (1)). La

30 réactivité de la protéine a été mise en évidence vis à vis

d'un anticorps monoclonal anti-Histidine (DIANOVA) par la technique de Western blot (Towbin et al., 1979 (2)).

Les protéines recombinantes pET28c-clone 2 (1077 pb) et pET21C-clone 2 (1077 pb) ont été visualisées en SDS-PAGE dans la fraction insoluble après digestion enzymatique des extraits bactériens avec 50 µl de lysozyme (10 mg/ml) et lyse par ultrasons.

Les propriétés antigéniques des antigènes recombinants pET28C-clone 2 (1077 pb) et pET21C-clone 2 (1077 pb) ont été testées par Western Blot () après solubilisation du culot bactérien avec 2% SDS et 50 mM β -mercaptoéthanol. Après incubation avec les sérums de patients atteints de sclérose en plaques, les sérums des témoins neurologiques et les sérums de témoins de centre de transfusion sanguine (CTS), les immunocomplexes ont été détectés à l'aide d'un sérum de chèvre anti-IgG et anti IgM humaines, couplé à la phosphatase alcaline.

Les résultats sont présentés dans le tableau ci-après.

20

TABLEAU

Réactivité de sérums atteints de sclérose en plaques et témoins avec la protéine recombinante MSRV-1 gag clone 2 (1077 pb) = pET21C-clone 2 (1077 pb) et pET28C-clone 2 (1077 pb)^a

25

MALADIE	NOMBRE D'INDIVIDUS TESTÉS	NOMBRE D'INDIVIDUS POSITIFS		
			SEP	TEMOINS
SEP	15	6		
		2 (+++), 2 (++), 2 (+)		
30 NEUROLOGIQUES	2	1 (+++)		
TEMOINS				
SAINS (CTS)	22	1 (+/-)		
35 (a) Les bandelettes contenant 1,5 µg d'antigène recombinant pET-gag clone 2 (1077 pb) présentent une				

réactivité contre de sérums dilués au 1/100. L'interprétation de Western Blot est basée sur la présence ou absence d'une bande pET-gag clone 2 (1077 pb) spécifique sur les bandelettes. Des contrôles positifs et 5 négatifs sont inclus dans chaque expérience.

Ces résultats montrent que, dans les conditions techniques utilisées, environ 40% des sérums humains atteints de sclérose en plaques testés réagissent avec les 10 protéines recombinantes pET28C-clone 2 (1077 pb) et pET21C-clone 2 (1077 pb). Une réactivité a été observée sur un témoin neurologique et il est intéressant de noter que les ARN extraits à partir de ce sérum, après l'étape de transcriptase inverse, sont aussi amplifiés par PCR 15 dans la région pol. Ceci suggère que des personnes n'ayant pas déclaré une SEP peuvent également héberger et exprimer ce virus. Par contre, un témoin (donneur CTS) apparemment sain, possède des anticorps anti-gag (clone 2, 1077 pb). Ce qui est compatible avec un immunité acquise contre 20 MSRV-1 en dehors d'une maladie autoimmune associée déclarée.

EXEMPLE 7: OBTENTION D'UN CLONE LB13 CONTENANT EN 3'
UNE PARTIE HOMOLOGUE AU CLONE 2 CORRESPONDANT AU GENE GAG
25 ET EN 5' UNE PARTIE HOMOLOGUE AU CLONE 5M6 CORRESPONDANT À
LA RÉGION LTR U5.

Une RT-PCR (" reverse-transcriptase-polymerase chain reaction ") a été effectuée à partir de l'ARN total 30 extrait de virions, provenant de surnageants de cellules lymphocytaires B des patients atteints de sclérose en plaques, concentrés par ultracentrifugations. La synthèse de cDNA a été réalisée avec une amorce spécifique SEQ N° XXX et la transcriptase inverse " ExpandTM RT " de 35 BOEHRINGER MANNHEIM selon les conditions préconisées par la société.

Amorce utilisée pour la synthèse du cDNA, identifiée par SEQ ID NO: 138:

5' CTT GGA GGG TGC ATA ACC AGG GAA T 3'

Une amplification par PCR a été réalisée avec la 5 Tag polymérase (Perkin Elmer, France) sous les conditions suivantes: 94°C 1 min, 55°C 1 min, 72°C 2 min pendant 35 cycles et 72°C pendant 7 min et avec un volume réactionnel final de 100 µl.

Amorces utilisées pour l'amplification par PCR:

10 - amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 139

5' TGT CCG CTG TGC TCC TGA TC 3'

- amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 138

5' CTT GGA GGG TGC ATA ACC AGG GAA T 3'

Une deuxième amplification par PCR dite "semi-nichée" a été réalisée avec une amorce 3' située à l'intérieur de la région déjà amplifiée. Cette deuxième amplification a été effectuée sous les mêmes conditions expérimentales que celles utilisées lors de la première amplification, en utilisant 10 µl du produit 20 d'amplification issu de la première PCR.

Amorces utilisées por l'amplification par PCR "semi-nichée":

- amorce 5', identifiée par SEQ ID NO: 139

5' TGT CCG CTG TGC TCC TGA TC 3'

25 - amorce 3', identifiée par SEQ ID NO: 140

5' CTA TGT CCT TTT GGA CTG TTT GGG T 3'

Les amorces SEQ ID NO: 138 et SEQ ID NO: 140 sont spécifiques de la région gag, clone 2 position nucléotidique n° 373-397 et n° 433-456. Les amorces 30 utilisées dans la région 5' ont été définies sur des séquences des clones obtenus lors d'essais préalables.

Un produit d'amplification de 764 pb a été obtenu et cloné de la façon suivante:

L'ADN amplifié a été inséré dans un plasmide à 35 l'aide du kit TA Cloning™. Les 2 µl de solution d'ADN ont été mélangés avec 5 µl d'eau distillée stérile, 1 µl d'un

tampon de ligation 10 fois concentré "10X LIGATION BUFFER", 2 μ l de "pCRTM VECTOR" (25 ng/ml) et 1 μ l de "T4 DNA LIGASE". Ce mélange a été incubé une nuit à 14°C. Les étapes suivantes ont été réalisées conformément au 5 instructions du kit TA Cloning® (Invitrogen). Le mélange a été étalé après transformation de la ligation dans des bactéries *E. coli* INVαF'. A la fin de la procédure, les colonies blanches de bactéries recombinantes ont été repiquées pour être cultivées et permettre l'extraction 10 des plasmides incorporés selon la procédure dite de "minipréparation d'ADN" (17). La préparation de plasmide de chaque colonie recombinante a été coupée par l'enzyme de restriction Eco RI et analysée sur gel d'agarose. Les plasmides possédant un insert détecté sous lumière UV 15 après marquage du gel au bromure d'éthidium, ont été sélectionnés pour le séquençage de l'insert, après hybridation avec une amorce complémentaire du promoteur T7 présent sur le plasmide de clonage du TA cloning kit®. La réaction préalable au séquençage a ensuite été effectuée 20 selon la méthode préconisée pour l'utilisation du kit de séquençage "PRISM™ Ready Reaction AmpliTaq® FS, DyeDeoxy™ Terminator" (Applied Biosystems, ref. 402119) et le séquençage automatique a été réalisé sur les appareils 373 A et 377 Applied Biosystems, selon les 25 instructions du fabricant.

Le clone LB13 obtenu contient une région N-terminale de gène gag MSRV-1 homologue au clone 2 et un LTR correspondant à une partie de la région U5. Entre la région U5 et gag un site de fixation pour les ARN de transfert, le PBS " primer binding site " a été identifié. 30

La séquence nucléotidique du fragment de 764 pb du clone LB13 dans le plasmide "pCRTM vector" est représentée dans l'identificateur SEQ ID NO: 141.

Le site de fixation pour les ARN de transfert, 35 présentant une séquence du type PBS tryptophane, a été

identifié en position nucléotidique n°342-359 du clone LB13.

Un autre clone, dénommé LA15 a été obtenu sur l'ARN total extrait de virions concentrés par 5 ultracentrifugation à partir d'un surnageant de culture de synoviocytes provenant d'un patient atteint de polyarthrite rhumatoïde. La stratégie d'amplification et clonage du clone LA15 est exactement la même qui a été utilisée pour le clone LB13.

10 La séquence nucléotidique du clone LA15 qui est représentée dans l'identificateur SEQ ID NO: 142, est très similaire au clone LB13. Ceci suggère que le rétrovirus MSVR-1 détecté dans la sclérose en plaque présente des séquences similaires à celles rencontrées dans la 15 polyarthrite rhumatoïde.

BIBLIOGRAPHIE

(1) Laemmli U. K. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4.
5 Nature. (1970). 227: 680-685.

(2) Towbin H., Staehelin T. & Gordon J. Electrophoretic transfer of proteins from polyacrylamide gels to nitrocellulose sheets: procedure and some
10 applications. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. (1979). 76: 4350-4354.

LISTE DE SEQUENCES

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 68:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

5 (A) LONGUEUR: 34 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

10 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 68:

GACTCGCTGC AGATCGATT TTTTTTTTTT TTTT

34

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 69:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

15 (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

20 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 69:

GCCATCAAGC CACCCAAGAA CTCTTAACCTT

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 70:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

25 (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc

30 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 70:

CCAATAGCCA GACCATTATA TACACTAATT

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 112

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 310 paires de bases

(B) TYPE: nucléotidique

5

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 112:

GCTTATAGAA GGACCCCTAG TATGGGTAA TCCCCTCTGG GAAACCAAGC CCCAGTACTC 60
 AGCAGGAAAA ATAGAATAGG AACACCTCAC AAGCACATACT TTCCTCCCT CCAGATGGCT 120
 10 AGCCACTGAG GAAGGAAAAA TACTTCACC TGCACTAAC CAACAGAAAT TACTTAAAC 180
 CCTTCACCAA ACCTTCCACT TAGGCATTGA TAGCACCCAT CAGATGGCCA AATTATTATT 240
 TACTGGACCA GGCCTTTCA AAACATATCAA GAAGATAGTC AGGGGCTGTG AAGTGTGCCA 300
 AAGAAATAAT

310

15 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 113

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 103 acides aminés

(B) TYPE: peptidique

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

20

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 113:

LIEGPLVWGNPLWETKPQYSAGKIEEXETSQGHTFLPSRWLATEEGKILSPAANQQKLLKTLHQTFLHGID
 STHQMAKLLFTGPGLFKTIKKIVRGCEVCQRNN

25 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 114

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 635 paires de bases

(B) TYPE: nucléotidique

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

30

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 114:

CCCTGTATCT TTAACCTCCT TGTAAAGTT GTCTCTTCCA GAATCAAAC TGTAACACTA 60
 CAAATTGTC TTCAATGGA GCACCAAGATC GAGTCCATCA CTAAGATCCA CCGTGGACCC 120
 CTGGACCGCC CTGCTAGCCC ATGCTCCGAT GTTAATGACA TTGAAGGCAC CCCTCCCGAG 180
 35 GAAATCTCAA CTGCACAAACC CCTACTATGC CCCAATTCAAG CGGGAAAGCAG TTAGAGCGGT 240
 CATCAGCCAA CCTCCCCAAC AGCACTTGGG TTTTCTGTGTT GAGAGGGGG ACTGAGAGAC 300

AGGACTAGCT GGATTCCTA GGCCAAACGAA GAATCCCTAA GCCTAGCTGG GAAGGTGACT 360
 GCATCCACCT CTAAACATGG GGCTTGCAAC TTAGCTCACA CCCGACCAAT CAGAGAGCTC 420
 ACTAAAATGC TAATTAGGCA AAAATAGGAG GTAAAGAAAT AGCCAATCAT CTATTGCCTG 480
 AGAGCACAGC GGGAGGGACA AGGATCGGG AATAAACCCA GGCATTCGAG CCGGCAACGG 540
 5 CAACCCCCCTT TGGGTCCCCT CCCTTTGTAT GGGCGCTCTG TTTTCACTCT ATTTCACTCT 600
 ATTAATCTT GCAACTGAAA AAAAAAAA AAAAAA 635

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 115

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

10 (A) LONGUEUR: 77 acides aminés
 (B) TYPE: peptidique
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 115:

15 PCIFNLLVKFVSSRIKTVKLQIVLQMEHQMESMTKIHRGPLDRPASPCSDVNDIEGPPEEISTAQPLLC
 PNSAGSS

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 116

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

20 (A) LONGUEUR: 32 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotidique
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 116:

25 TGGGGTTCCA TTTGTAAGAC CATCTGTAGC TT 32

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 117

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

30 (A) LONGUEUR: 1481 paires de base
 (B) TYPE: nucléotidique
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 117:

ATGGCCCTCC CTTATCATACTTTTACTGTTCTCT TACCCCTTT CGCTCTCACT 60
 35 GCACCCCCCTC CATGCTGCTG TACAACCAGT AGCTCCCTT ACCAAGAGTT TCTATGAAGA 120
 ACGCGGCTTC CTGGAAATAT TGATGCCCA TCATATAGGA GTTTATCTAA GGGAAACTCC 180

ACCTTCAGT CCCACACCA TATGCCCGC AACTGCTATA ACTCTGCCAC TCTTGATG 240
 CATGAAATA CTCATTATTG GACAGGGAAA ATGATTAATC CTAGTTGTCC TGGAGGACTT 300
 GGAGCCACTG TCTGTTGGAC TTACTTCACC CATAACAGTA TGTCTGATGG GGGTGGAAATT 360
 CAAGGTCAGG CAAGAGAAAA ACAAGTAAAG GAAGCAATCT CCCAACTGAC CGGGGGACAT 420
 5 AGCACCCCTA GCCCCTACAA AGGACTAGTT CTCTCAAAC TACATGAAAC CCTCCGTAC 480
 CATACTCGCC TGGTGAGCCT ATTTAATACC ACCCTCACTC GGCTCCATGA GGTCTCAGCC 540
 CAAACCCCTA CTAACGTGTT GATGTGCCTC CCCCTGCACT TCAGGCCATA CATTCAATC 600
 CCTGTTCCCTG ACAATGGAA CAACTTCAGC ACAGAAATAA ACACCACTTC CGTTTTAGTA 660
 GGACCTCTTG TTTCCAATCT GGAAATAACC CATAACCTAA ACCTCACCTG TGAAAATT 720
 10 AGCAATACTA TAGACACAAAC CAGCTCCAA TGCATCAGGT GGGTAACACC TCCCACACGA 780
 ATAGTCTGCC TACCCCTCAGG AATATTTTT GTCTGTGGTA CCTCAGCCTA TCATTGTTTG 840
 AATGGCTCTT CAGAACATCTAT GTGCTTCCTC TCATTCTTAG TGCCCCCTAT GACCATCTAC 900
 ACTGAACAAG ATTTATACAA TCATGTCGTA CCTAAGCCCC ACAACAAAAG AGTACCCATT 960
 CTTCCCTTTG TTATCAGAGC AGGAGTGCTA GGCAAGACTAG GTACTGGCAT TGGCAGTATC 1020
 15 ACAACCTCTA CTCAGTTCTA CTACAAACTA TCTCAAGAAA TAAATGGTGA CATGGAACAG 1080
 GTCACTGACT CCCTGGTCAC CTTGCAAGAT CAACTTAAC CCCTAGCAGC AGTAGTCCTT 1140
 CAAATCGAA GAGCTTTAGA CTTGCTAACCC GCCAAAAGAG GGGGAACTG TTTATTTTTA 1200
 GGAGAAGAAC GCTGTTATTA TGTAAATCAA TCCAGAATTG TCACTGAGAA AGTTAAAGAA 1260
 ATTGAGATC GAATACAATG TAGAGCAGAG GAGCTTCAAA ACACCGAACG CTGGGGCCTC 1320
 20 CTCAGCCAAT GGATGCCCTG GGTTCTCCCC TTCTTAGGAC CTCTAGCAGC TCTAATATTG 1380
 TTACTCCTCT TTGGACCCCTG TATCTTAAC CTCCTGTTA AGTTTGTCCTC TTCCAGAATT 1440
 GAAGCTGTAA AGCTACAGAT GGTCTTACAA ATGGAACCCC A 1481

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 118

25 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 493 acides aminés
- (B) TYPE: peptidique
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

30 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 118:

MALPYHTFLFTVLLPPFALTAPPCCCTSSSPYQEFLXRTRLPGNIDAPSYRSLSKGNSTFTAHTHMPR
 NCYNSATLCMHANTHYWTGKMINPSCPGLGATVCWTYFTHTSMSDGGGIQQQAREKQVKEAISQLTRGH
 STPSPYKGLVLSKLHETLRTHTRLVSLFNTTLTRLHEVSAQNPTNCWMCLPLHFRPYISIPVPEQWNNF
 TEINTTSVLGPLVSNLLEITHTSNLTCVKFSNTIDTSSQCIRWTPPTRIVCLPSGIFFVCGTSAYHCL
 35 NGSSESMCFLSFLVPPMTIYTEQDLYNHVVPKPHNKRVPILPFVIRAGVLGRLGTGIGSITTSTQFYKL
 SQEINGDMEQVTDSLVTLDQLNSLAAVVLQNRRA LDLLAKRGGTCLFLGEERCYYVNQSRIVTEKVKE

IRDRIQCRAEELQNTERWGLLSQWMPWVLPFLGPLAALILLLLFGPCIFNLLVKFVSSRIEAVKLQMVLQ
MEP

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 119

5 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 32 paires de base
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

10 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 119:

TCAAAATCGA AGAGCTTTAG ACTTGCTAAC CG

32

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 120

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

15 (A) LONGUEUR: 1329 paires de base

- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 120:

20	TCAAAATCGA AGAGCTTTAG ACTTGCTAAC CGCCAAAAGA GGGGAAACCT GTTTATTTT	60
	AGGGGAAGAA TGCTGTTAGT ATGTTAACCA ATCTGGAATC ATTACTGAGA AAGTTAAAGA	120
	AATTTGAGAT CGAATATAAT GTAGAGCAGA GGACCTTCAG AACACTGCAC CCTGGGGCCT	180
	CCTCAGCCAA TGGATGCCCT GGACTCTCCC CTTCTTAGGA CCTCTAGCAG CTATAATATT	240
	TTTACTCCCTC TTTGGACCCCT GTATCTTCAG CTTCCCTGT AAGTTTGCT CTTCCAGAAT	300
25	TGAAGCTGTA AAGCTACAAA TAGTTCTTCAG AATGAAACCC CAGATGCGAGT CCATGACTAA	360
	AATCTACCGT GGACCCCTGG ACCGGCCTGC TAGACTATGC TCTGATGTTA ATGACATTGA	420
	AGTCACCCCT CCCGAGGAAA TCTCAACTGC ACAACCCCTA CTACACTCCA ATTCACTAGG	480
	AAGCAGTTAG AGCAGTTGTC AGCCAACCTC CCCAACAGTA CTTGGGTTT CCTGTTGAGA	540
	GGGTGGACTG AGAGACAGGA CTAGCTGGAT TTCCCTAGGCT GACTAAGAAT CCCNAAGCCT	600
30	ANCTGGGAAG GTGACCGCAT CCATCTTAA ACATGGGCT TGCAACTTAG CTCACACCCG	660
	ACCAATCAGA GAGCTCACTA AAATGCTAAT CAGGCAAAAA CAGGAGGTAA AGCAATAGCC	720
	AATCATCTAT TGCCCTGAGAG CACAGCGGGA AGGACAAGGA TTGGGATATA AACTCAGGCA	780
	TTCAAGCCAG CAACAGCAAC CCCCTTGGA TCCCCCTCCA TTGTATGGGA GCTCTGTTT	840
	CACTCTATTT CACTCTATTA AATCATGCAA CTGCACTCTT CTGGTCCGTG TTTTTTATGG	900
35	CTCAAGCTGTA GCTTTGTTG GCCATCCACC ACTGCTGTTT GCCACCGTCA CAGACCCGCT	960
	GCTGACTTCC ATCCCTTTGG ATCCAGCAGA GTGTCCACTG TGCTCCTGAT CCAGCGAGGT	1020

ACCCATTGCC ACTCCCGATC AGGCTAAAGG CTTGCCATTG TTCCCTGCATG GCTAAGTGCC 1080
 TGGGTTGTC CTAATAGAAC TGAACACTGG TCACTGGGTT CCATGGTTCT CTTCCATGAC 1140
 CCACGGCTTC TAATAGAGCT ATAACACTCA CGGCATGGCC CAAGATTCCA TTCCTTGGTA 1200
 TCTGTGAGGC CAAGAACCCC AGGTCAGAGA ANGTGAGGCT TGCCACCATT TGGGAAGTGG 1260
 5 CCCACTGCCA TTTGGTAGC GGCCCACCCAC CATCTTGGGA GCTGTGGGAG CAAGGATCCC 1320
 CCAGTAACA 1329

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 121

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

10 (A) LONGUEUR: 162 acides aminés
 (B) TYPE: peptide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 121:

15 QNRRA LDLLTAKRGGTCLFLGE ECCXYVNQSGIITEKVKEIXDR IXCRAEDLQNTAPWG LLSQWMPWTLP
 FLGPLAAIIIFLLLFGPCIFNFLVKFVSSRIEAVKLQIVLQMEPQM QSMTKIYRGPLDRPARLCSDVNDIE
 VTPPEEISTAQPLLHSNSVGSS

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 122

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: paires de base
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

25 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 122:

GGCATTGATA GCACCCATCA G

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 123

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

30 (A) LONGUEUR: 21 paires de base
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 123:

35 CATGTCACCA GGGTGGATA G

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 124

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: paires de base

(B) TYPE: nucléotide

5 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 124:

10

15

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 126

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 21 paires de base

20 (B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 126:

CATGTCACCA GGGTGGAAATA G

21

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 127

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 26 paires de base

30 (B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 127:

GGACAGGAAA GTAAGACTGA GAAGGC

26

35 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 128

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: paires de base
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

5 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 128:

Cf Exemple 5

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 129

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

10 (A) LONGUEUR: paires de base
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 129:

15 Cf Exemple 5

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 130

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

20 (A) LONGUEUR: 1511 paires de base
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 130:

CCTAGAACGT	ATTCTGGAGA	ATTGGGACCA	ATGTGACACT	CAGACGCTAA	GAAAGAAACCG	60
25 ATTTATATTC	TTCTGCAGTA	CCGCCTGGCC	ACAATATCCT	CTTCAAGGGA	GAGAAACCTG	120
GCTTCCTGAG	GGAAGTATAA	ATTATAACAT	CATCTTACAG	CTAGACCTCT	TCTGTAGAAA	180
GGAGGGCAAA	TGGAGTGAAG	TGCCATATGT	GCAAACTTTC	TTTCATTAA	GAGACAACTC	240
ACAATTATGT	AAAAAGTGTG	GTTTATGCC	TACAGGAAGC	CCTCAGAGTC	CACCTCCCTA	300
CCCCAGCGTC	CCCTCCCCGA	CTCCTTCCTC	AACTAATAAG	GACCCCCCTT	TAACCCAAAC	360
30 GGTCCAAAAG	GAGATAGACA	AAGGGTAAA	CAATGAACCA	AAGAGTGCCA	ATATTCCCCG	420
ATTATGCC	CTCCAAGCAG	TGAGAGGAGG	AGAATTGCGC	CCAGCCAGAG	TGCCTGTACC	480
TTTTTCTCTC	TCAGACTAA	AGCAAATTAA	AATAGACCTA	GGTAAATTCT	CAGATAACCC	540
TGACGGCTAT	ATTGATGTTT	TACAAGGTT	AGGACAATCC	TTTGATCTGA	CATGGAGAGA	600
TATAATGTTA	CTACTAAATC	AGACACTAAC	CCCAAATGAG	AGAAGTGCGG	CTGTAACACTGC	660
35 AGCCCCGAGAG	TTTGGCGATC	TTTGGTATCT	CACTCAGGCC	AACAATAGGA	TGACAAACAGA	720
GGAAAGAACCA	ACTCCCACAG	GCCAGCAGGC	AGTTCCCAAGT	GTAGACCCCTC	ATTGGGACAC	780

AGAATCAGAA CATGGAGATT CGTGCCACAA ACATTTGCTA ACTTGCCTGC TAGAAGGACT 840
 GAGGAAAAC AGGAAGAACG CTATGAATTA CTCATGATG TCCACTATAA CACAGGGAAA 900
 GGAAGAAAAT CTTACTGCTT TTCTGGACAG ACTAAGGGAG GCATTGAGGA AGCATACCTC 960
 CCTGTACCT GACTCTATTG AAGGCCAACT AATCTTAAAG GATAAGTTA TCACTCAGTC 1020
 5 AGCTGCAGAC ATTAGAAAAA ACTTCAAAAG TCTGCCTTAG GCCCGGAGCA GAACTTAGAA 1080
 ACCCTATTTA ACTTGGCATH CTCAGTTTT TATAATAGAG ATCAGGAGGA GCAGGGCGAA 1140
 CGGGACAAAC GGGATAAAAAA AAAAAGGGGG GGTCCACTAC TTTAGTCATG GCCCTCAGGC 1200
 AAGCAGACTT TGGAGGCTCT GCAAAAGGGA AAAGCTGGGC AAATCAAATG CCTAATAGGG 1260
 CTGGCTTCCA GTGCGGTCTA CAAGGACACT TTAAAAAAGA TTATCCAAGT AGAAATAAGC 1320
 10 CGCCCCCTTG TCCATGCCCTT TTACGTCAAG GGAATCACTG GAAGGCCAC TGCCCCAGGG 1380
 GATGAAGATA CTCTGAGTCA GAAGCCATTA ACCAGATGAT CCAGCAGCAG GACTGAGGGT 1440
 GCCCGGGCG ACCGCCAGCC CATGCCATCA CCCTCACAGA GCCCCGGTA TGTTTGACCA 1500
 TTGAGAGCCA A 1511

15 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 131

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 347 acides aminés
- (B) TYPE: peptide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- 20 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 131:

LERILENWDQCDTQLRKKRFIFFCSTAWPOYPLQGRETLWPEGSINYNIILQLDLFCRKEGKWSEVPYV
 QTFFSLRNSQLCKKGLCPGSPQSPPPPSVPSPSSTNKDPPLTQTVQKEIDKGVNNEPKSANIPR
 LCPLQAVRGGEFGPARVPVPFSLSDLKQIKIDLGKFSDNPDGYIDVLQGLGQSFDLTWRDIMLLNQTLT
 25 PNERSAAVTAAREFGDLWYLSQANNRMTTEERTTPTCQQAVPSVDPHWDTESEHGDWCHKHLLTCVLEGL
 RKTRKKPMNSMMSTITQGKEENLTAFLDRREALRKHTSLSPDSIEGQLILKDKFITQSAADIRKNPKS
 LP

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 132

30 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 30 paires de base
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

35 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 132:

TGCTGGAATT CGGGATCCTA GAACGTATTG

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 133

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 30 paires de base
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 133:

AGTTCTGCTC CGAACGCTTAG GCAGACTTTT

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 135

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: acides aminés
- (B) TYPE: peptide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 135:

MGSSHHHHHSSGLVPRGSHMASMTGGQQMGRILERILENWDQCDTQTLRKRFIFFCSTAWPQYPLQGR
ETWLPEGSINYNIILQLDLFCRKEGKWSEVPYVQTFFSLRDNSQLCKKCGLCPTGSPQSPPPYPSVPSPT
PSSTNKDPPLTQTVQKEIDKGVNNEPKSANIPRLCPLQAVRGGEFGPARVPVPFSLSDLKQIKIDLGKFS
DNPDGYIDVLQGLGQSFDLTWRDIMLLNQTLTPNERSAAVTAAREFGDLWYLSQANNRMTTEERTTPTG
QQAVPSVDPHWDTESEHGDWCHKHLTCVLEGLRKTRKKPMNSMMSTITQGKEENLTAFLDRLREALRK
HTSLSPDSIEGQLILKDKFITQSAADIRKNFKSLPKLAAALEHHHHHH

10 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 137

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: acides aminés

(B) TYPE: peptide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

15 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 137:

MASMTGGQQMGRILERILENWDQCDTQTLRKRFIFFCSTAWPQYPLQGRETWLPEGGSINYNIILQLDLF
CRKEGKWSEVPYVQTFFSLRDNSQLCKKGLCPTGSPQSPPPPSVPSPSTSNTKDPLTQTVQKEIDK

GVNNEPKSANIPRLCPLQAVRGGEFGPARVPVPFSLDLKQIKIDLGKFDNDPGYIDVLQGLQSFDLT

20 WRDIMLLNQTLTPNERSAAVTAAREFGDLWYLSQANNRMTTEERTPTGQQAVPSVDPHWDTESEHGDW
CHKHLLTCVLEGLRKTRKKPMNSMMSTITQGKEENLTAFLDRLREALRKHTSLSPDSIEGQLILKDKFI
TQSAADIRKNFKSLPKLAAALEHHHHHH

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 138

25 (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 25 paires de base

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

30 (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 138:

CTTGGAGGGT GCATAACCGAG GGAAT

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 139

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

35 (A) LONGUEUR: 20 paires de base

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 139:

TGTCCGCTGT GCTCCTGATC

20

5

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 140

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 25 paires de base

(B) TYPE: nucléotide

10 (C) NOMBRE DE BRINS: simple

(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 140:

CTATGTCCTT TTGGACTGTT TGGGT

25

15 (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 141

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 764 paires de base

(B) TYPE: nucléotide

(C) NOMBRE DE BRINS: simple

20 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 141:

TGTCCGCTGT GCTCCTGATC CAGCACAGGC GCCCATTGCC TCTCCCAATT GGGCTAAAGG 60

CTTGGCATTG TTCTCTGCACA GCTAAGTGCC TGGGTTCATC CTAATCGAGC TGAACACTAG 120

TCACTGGTTT CCACGGTTCT CTTCCATGAC CCATGGCTTC TAATAGAGCT ATAACACTCA 180

25 CTGCATGGTC CAAGATTCCA TTCCTTGAA TCCGTGAGAC CAAGAACCCC AGGTCAGAGA 240

ACACAAGGCT TGCCACCAGT TTGGAAGCAG CCCACCCACCA TTTTGGAAAGC AGCCCCCAC 300

TATCTTGGGA GCTCTGGGAG CAAGGACCCC AGGTAAACAAT TTGGTGACCA CGAAGGGACC 360

TGAATCCGCA ACCATGAAGG GATCTCCAAA GCAATTGGAA ATGTTCTCC CAAGGCAAAA 420

ATGCCCTAA GATGTATTCT GGAGAATTGG GACCAATTG ACCCTCAGAC AGTAAGAAAA 480

30 AAATGACTTA TATTCTTCTG CAGTACCGCC CTGGCCACGA TATCCTCTTC AAGGGGGAGA 540

AACCTGGCCT CCTGAGGGAA GTATAAATTA TAACACCATC TTACAGCTAG ACCTGTTTG 600

TAGAAAAGGA GGCAAATGGA GTGAAGTGCC ATATTTACAA ACTTTCTTT CATAAAAGA 660

CAACTCGCAA TTATGTTAAC AGTGTGATTT GTGTTCTAC ACGGAAGCCC TCAGATTCTA 720

CTCCCCACCC CCGGCATCTC CCCTGAATCC CTCCCCAACT TATT 764

35

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 142

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 800 paires de base
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- 5 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 142:

	TGTCCGCTGT	GCTCCTGATC	CAGCACAGGC	GCCCATTGCC	TCTCCAATT	GGGCTAAAGG	60
	CTTGCCATTG	TTCCTGCACA	GCTAAGTGCC	TGGGTTCATC	CTAACCGAGC	TGAACACTAG	120
	TCACTGGGTT	CCACGGTTCT	CTTCCATGAC	CCATGGCTTC	TAATAGAGCT	ATAACACTCA	180
10	CTGCATGGTC	CAAGATTCCA	TTCCTTGGAA	TCCGTGAGAC	CAAGAACCCC	AGGTCAGAGA	240
	ACACAACGCT	TGCCACCATG	TTGGAAGCAG	CCCACCACCA	TTTGGAAGC	GGCCCGCCAC	300
	TATCTTGGGA	GCTCTGGGAG	CAAGGACCCC	CAGGTAACAA	TTTGGTGACC	ACGAAGGGAC	360
	CTGAATCCGC	AACCATGAAG	GGATCTCCAA	AGCAATTGGA	AATGTTCTC	CCAAGGGAAA	420
	AATGCCCTA	AGATGTATTG	TGGAGAATTG	GGACCAATCT	GACCCTCAGA	CAGTAAGAAA	480
15	AAAAATGACT	TATATTCTTC	TGCAGTACCG	CCTGGCCACG	GATATCCTCT	TCAAGGGGGG	540
	GAAACCTGGC	CTCCTGAGGG	AA GTATAAAT	TATAACACCA	TCTTACAGCT	AGACCTGTTT	600
	TCTAGAAAAG	GAGGCAAATG	GAGTGAAGTG	CCATATTTAC	AAACTTTCTT	TTCAATTAAAA	660
	GACAACCTCGC	AATTATGTAA	ACAGTGTGAT	TTGTGTCTA	CAGGAAGCCC	TCAGATCTAC	720
	CTCCCTACCC	CGGCATCTCC	CTGACTCCTT	CCCCAACTAA	TAAGGACCCA	CTTCAGCCCA	780
20	AACAGTCCAA	AAGGACATAG					800

REVENDICATIONS

1. Matériel nucléique, à l'état isolé ou purifié, comprenant une séquence nucléotidique choisie dans le groupe qui consiste en (i) les séquences SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 124, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 141 et SEQ ID NO: 142 ; (ii) les séquences complémentaires des séquences (i) ; et (iii) les séquences équivalentes aux séquences (i) ou (ii), en particulier les séquences présentant pour toute suite de 100 monomères contigus, au moins 50 %, et préférentiellement au moins 70 % d'homologie avec respectivement les séquences (i) ou (ii).
2. Matériel nucléique, à l'état isolé ou purifié, codant pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigue d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec une séquence peptidique choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 113, SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137.
3. Matériel nucléique rétroviral, dont le gène pol comprend une séquence nucléotidique identique ou équivalente à une séquence choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 124 et leurs séquences complémentaires.
4. Matériel nucléique rétroviral, dont l'extrémité 5' du gène pol commence au nucléotide 1419 de SEQ ID NO: 130.
5. Matériel nucléique rétroviral, dont le gène pol code pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigue d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec la séquence peptidique SEQ ID NO: 113.
6. Matériel nucléique rétroviral, dont l'extrémité 3' du gène gag finit au nucléotide 1418 de SEQ ID NO: 130.

7. Matériel nucléique rétroviral, dont le gène env comprend une séquence nucléotidique identique ou équivalente à une séquence choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 117, et ses séquences complémentaires.

8. Matériel nucléique rétroviral, dont le gène env comprend une séquence nucléotidique qui commence au nucléotide 1 de SEQ ID NO: 117 et finit au nucléotide 233 de SEQ ID NO: 114.

9. Matériel nucléique rétroviral, dont le gène env code pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigüe d'au moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec la séquence SEQ ID NO: 118.

10. Matériel nucléique rétroviral dont la région U3R du LTR 3' comprend une séquence nucléotidique qui se termine au nucléotide 617 de SEQ ID NO: 114.

11. Matériel nucléique rétroviral dont la région RU5 du LTR 5' comprend une séquence nucléotidique qui commence au nucléotide 755 de SEQ ID NO: 120 et finit au nucléotide 337 de SEQ ID NO: 141 ou SEQ ID NO: 142.

12. Matériel nucléique rétroviral comprenant une séquence qui commence au nucléotide 755 de SEQ ID NO: 120 et qui se termine au nucléotide 617 de SEQ ID NO: 114.

13. Matériel nucléique rétroviral selon l'une quelconque des revendications précédentes, caractérisé en ce qu'il est associé à au moins une maladie auto-immune telle que la sclérose en plaques ou la polyarthrite rhumatoïde.

14. Fragment nucléotidique comprenant une séquence nucléotidique choisie dans le groupe qui consiste en (i) les séquences SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 124, SEQ ID NO: 130, SEQ ID NO: 141 et SEQ ID NO: 142 ; (ii) les séquences complémentaires des séquences (i) ; et (iii) les séquences équivalentes aux séquences (i) ou (ii), en

particulier les séquences présentant pour toute suite de 100 monomères contigus, au moins 50 %, et préférentiellement au moins 70 % d'homologie avec respectivement les séquences (i) ou (ii).

5 15. Fragment nucléotidique selon la revendication
14, consistant en une séquence nucléotidique choisie dans
le groupe qui consiste en (i) les séquences
SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 117,
SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 124, SEQ ID NO: 130,
10 SEQ ID NO: 141 et SEQ ID NO: 142 ; (ii) les séquences
complémentaires des séquences (i) ; et (iii) les séquences
équivalentes aux séquences (i) ou (ii), en particulier les
séquences présentant pour toute suite de 100 monomères
contigus, au moins 50 %, et préférentiellement au moins
15 70 % d'homologie avec respectivement les séquences (i) ou
(ii).

16. Fragment nucléotidique comprenant une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide présentant, pour toute suite contigüe d'au moins 30 acides aminés, au moins 20 50 %, et de préférence au moins 70 % d'homologie, avec une séquence peptidique choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 113, SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137.

17. Fragment nucléotidique selon la revendication
25 16, consistant en une séquence nucléotidique codant pour
un polypeptide présentant, pour toute suite contigüe d'au
moins 30 acides aminés, au moins 50 %, et de préférence au
moins 70 % d'homologie, avec une séquence peptidique
choisie dans le groupe qui consiste en SEQ ID NO: 113,
30 SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 121,
SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137.

18. Sonde nucléique pour la détection d'un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou la polyarthrite rhumatoïde, caractérisée en ce qu'elle est
susceptible de s'hybrider spécifiquement sur tout fragment

selon l'une quelconque des revendications 14 à 17, appartenant au génome dudit rétrovirus.

19. Sonde selon la revendication 18, caractérisée en ce qu'elle possède de 10 à 100 nucléotides, de 5 préférence de 10 à 30 nucléotides.

20. Amorce pour l'amplification par polymérisation d'un ARN ou d'un ADN d'un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou la polyarthrite rhumatoïde, caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence nucléotidique 10 identique ou équivalente à au moins une partie de la séquence nucléotidique d'un fragment selon l'une quelconque des revendications 8 à 11, notamment une séquence nucléotidique présentant pour toute suite de 10 monomères contigus, au moins 50 %, de préférence au moins 15 70 % d'homologie avec au moins ladite partie dudit fragment.

21. Amorce selon la revendication 20, caractérisée en ce que sa séquence nucléotidique est choisie parmi SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 122, 20 SEQ ID NO: 123, SEQ ID NO: 126, SEQ ID NO: 127, SEQ ID NO: 128, SEQ ID NO: 129, SEQ ID NO: 132, et SEQ ID NO: 133.

22. ARN ou ADN, et notamment vecteur de réPLICATION et/ou d'expression, comprenant un fragment 25 génomique du matériel nucléique selon l'une quelconque des revendications 1 à 7 ou un fragment selon l'une quelconque des revendications 14 à 17.

23. Peptide codé par tout cadre de lecture ouvert appartenant à un fragment nucléotidique selon l'une 30 quelconque des revendications 14 à 17, notamment polypeptide, par exemple oligopeptide formant ou comprenant un déterminant antigénique reconnu par des sera de patients infectés par le virus MSRV-1, et/ou chez lesquels le virus MSRV-1 a été réactivé.

35 24. Peptide selon la revendication 23 comprenant une séquence identique, partiellement ou totalement, ou

équivalente à une séquence choisie parmi SEQ ID NO: 113, SEQ ID N°115, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 121, SEQ ID NO: 135 et SEQ ID NO: 137.

25. Composition diagnostique, prophylactique, ou
5 thérapeutique, notamment pour inhiber l'expression d'au moins un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou à la polyarthrite rhumatoïde, comprenant un fragment nucléotidique selon l'une quelconque des revendications 14 à 17.

10 26. Procédé pour détecter un rétrovirus associé à la sclérose en plaques et/ou à la polyarthrite rhumatoïde, dans un échantillon biologique, caractérisé en ce que l'on met en contact un ARN et/ou un ADN présumé appartenir ou provenant dudit rétrovirus, ou leur ARN et/ou ADN
15 complémentaire, avec une composition comprenant un fragment nucléotidique selon l'une quelconque des revendications 14 à 17.

FIG 1

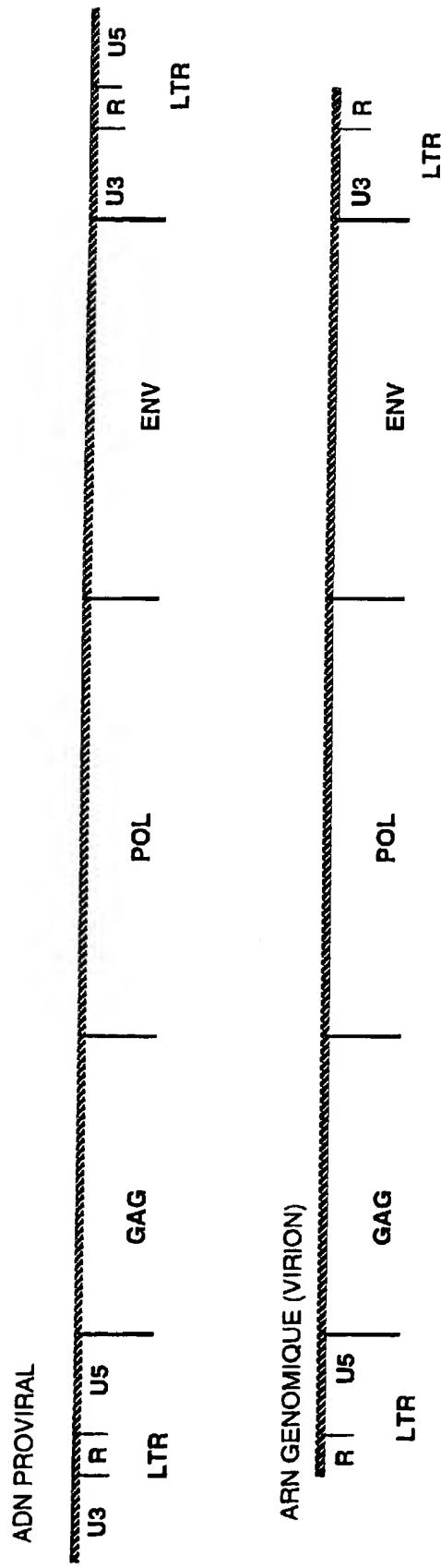


FIG 2

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
GCTTATAGAA	GGACCCCTAG	TATGGGTAA	TCCCCCTCGG	GAAACCAAGC	50
A Y R R	T P S M G .	S P L G N Q A			
L I E G P L V	W G N P L W E T K P				
L . K D P .	Y G V I P S G K P S				
CCCAGTACTC	AGCAGGAAAA	ATAGAATAGG	AAACCTCACCA	AGGACATACT	100
P V L S R K N	R I G N L T R T Y F				
Q Y S A G K I E .	E T S Q G H T				
P S T Q Q E K .	N R K P H K D I L				
TTCTCTCCCT	CCAGATGGCT	AGCCACTGAG	GAAGGAAAAA	TACTTTCACC	150
P P L Q M A S H .	G R K N T F T				
F L P S R W L A T E	E G K I L S P				
S S P P D G .	P L R K E K Y F H L				
TGCAGCTAAC	CAACAGAAAT	TACTAAAAC	CCTCACCAA	ACCTTCCACT	200
C S . P T E I T .	N P S P N L P L				
A A N Q Q K L L K T	L H Q T F H L				
Q L T N R N Y L K P	F T K P S T				
TAGGCATTGA	TAGCACCCAT	CAGATGGCCA	AATTATTATT	TACTGGACCA	250
R H . . H P S D G Q	I I I Y W T R				
G I D S T H Q M A K	L L F T G P				
. A L I A P I R W P	N Y Y L L D Q				
GGCTTTCA	AAACTATCAA	GAAGATAGTC	AGGGCTGTG	AAGTGTGCCA	300
P F Q N Y Q E D S Q	G L . S V P				
G L F K T I K K I V	R G C E V C Q				
A F S K L S R R .	S G A V K C A K				
AAGAAATAAT					310
K K .					
R N N					
E I					

FIG 2 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
CCCTGTTATCT	TTAACCTTCC	TGTAAAGTTT	GTCCTCTCCA	GAATCAAAAC	50
P C I F	N L L	V K F	V S S R	I K T	
P V S	L T S L	L S L	S L P	E S K L	
L Y L .	P P C .	V C	L F Q	N Q N	
TGTAAAACTA	CAAATTGGTC	TICAAATGGA	GCACCAAGATG	GAGTCCATGA	100
V K L	Q I V L	Q M E	H Q M	E S M T	
. N Y	K L F	F K W S	T R W	S P .	
C K T T	N C S	S N G	A P D G	V H D	
CTAAGATCCA	CGGTGGACCC	CTGGACCGGC	CTGCTAGGCC	ATGCTCCGAT	150
K I H	R G P	L D R P	A S P	C S D	
L R S T	V D P	W T G	L L A H	A P M	
. D P	P W T P	G P A	C .	P M L R C	
GTTAATGACA	TTGAAGGCAC	CCCTCCCGAG	GAAATCTCAA	CTGCACAAACC	200
V N D I	E G T	P P E	E I S T	A Q P	
L M T	L K A P	L P R	K S Q	L H N P	
. . H .	R H	P S R G	N L N	C T T	
CCTACTATGC	CCCAATTCAAG	CGGGAAAGCAG	TTAGAGCGGT	CATCAGCCAA	250
L L C	P N S A	G S S	. S G	H Q P T	
Y Y A	P I Q	R E A V	R A V	I S Q	
P T M P	Q F S	G K Q	L E R S	S A N	
CCTCCCCAAC	AGCACTTGGG	TTTCTCTT	GAGAGGGGGG	ACTGAGAGAC	300
S P T	A L G	F S C .	E G G	L R D	
P P Q Q	H L G	F P V	E R G D	. E T	
L P N	S T W V	F L L	R G G	T E R Q	
AGGACTAGCT	GGATTTCTTA	GGCCAACGAA	GAATCCCTAA	GCCTAGCTGG	350
R T S W	I S .	A N E	E S L S	L A G	
G L A	G F P R	P T K	N P .	A . L G	
D . L	D F L	G Q R R	I P K	P S W	

FIG 3

	10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
GAAGGTGACT	GCATCCACCT	CTAAACATGG	GGCTTGCAAC	TTAGCTCACA		400
K V T A S T S	K H G A C N	L A H T				
R . L H P P	L N M G	L A T . L T				
E G D C I H L	. T W G L Q L	S S H				
CCC GACCAAT	CAGAGAGCTC	ACTAAAATGC	TAATTAGGCA	AAAATAGGAG		450
R P I R E L	T K M L	I R Q K . E				
P D Q S E S S	L K C . L G K	N R R				
P T N Q R A H	. N A N . A K I G G					
GTAAAGAAAT	AGCCAATCAT	CTATTGCGTG	AGAGCACAGC	GGGAGGGACA		500
V K K . P I I	Y C L R A Q R	E G Q				
. R N S Q S S	I A . E H S G R D K					
K E I A N H	L L P E S T A	G G T				
AGGATCGGA	TATAAACCCA	GGCATTCGAG	CGCGCAACGG	CAACCCCCCT		550
G S G Y K P R	H S S R Q R	Q P P L				
D R D I N P	G I R A G N G	N P L				
R I G I . T Q	A F E P A T A	T P F				
TGGGTCCCCCT	CCCTTGTAT	GGCGCTCTG	TTTCACTCT	ATTCACTCT		600
G P L P L Y	G R S V F T L	F H S				
W V P S L C M	G A L F S L Y	F T L				
G S P P F V W	A L C F H S	I S L Y				
ATTAATCTT	GCAACTGAAA	AAAAA	AAAAA			635
I K S C N . K	K K K K					
L N L A T E K	K K K K					
. I L Q L K	K K K K					

5/27

FIG 4

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
ATGGCCCTCC	C TTATCATAC	T TTTCTCTTT	A CTGTTCTCT	TACCCCCCTT	50
M A L P	Y H T F	L F T V L L	P P F		
W P S	L I I L F	S L L F S Y	P L S		
G P P	L S Y F	S L Y C S L	T P F		
CGCTCTCACT	GCACCCCCTC	CATGCTGCTG	TACAACCAGT	AGCTCCCCCTT	100
A L T	A P P P C	C C C T T S	S S P Y		
L S L H P L	H A A V Q	P V A P L			
R S H C	T P S M L L	Y N Q .	L P L		
ACCAAGAGTT	TCTATGAAGA	ACGGGGCTTC	CTGGAAATAT	TGATGCCCA	150
Q E F L . R	T R L P G N I	D A P			
T K S F Y E E	R G F L E I L	M P H			
P R V S M K N	A A S W K Y .	C P I			
TCATATAGGA	GTTATCTAA	GGGAAACTCC	ACCTTCACTG	CCACACACCA	200
S Y R S L S K	G N S T F T A	H T H			
H I G V Y L R	E T P P S L	P T P I			
I . E F I .	G K L H L H C	P H P			
TATGCCCGC	AACTGCTATA	ACTCTGCCAC	TCCTTGATG	CATGCAAATA	250
M P R N C Y N	S A T L C M H A N T				
C P A T A I	T L P L F A C M Q I				
Y A P Q L L .	L C H S L H A C K Y				
CTCATTATTG	GACAGGGAAA	ATGATTAATC	CTAGTTGICC	TGGAGGACIT	300
H Y W T G K	M I N P S C P G G L				
L I I G Q G K .	L I L V V L E D L				
S L L D R E N	D . S . L S W R T W				
GGAGCCACTG	TCTGTGGAC	TTACTTCACC	CATACCAAGTA	TGCTCTGATGG	350
G A T V C W T	Y F T H T S M	S D G			
E P L S V G L	T S P I P V C L M G				
S H C L L D	L L H P Y Q Y V . W				

6/27

FIG 4 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
ACCTCACTG	TGTAAAATTT	AGCAATACTA	TAGACACAAAC	CAGCTCCCAA	750
L T C	V K F	S N T I	D T T	S S Q	
T S P V	. N L	A I L	. T Q P	A P N	
P H L	C K I	. Q Y Y	R H N	Q L P M	
TGCATCAGGT	GGGTAAACACC	TCACACACGA	ATAGTCIGCC	TACCCCTCAGG	800
C I R W	V T P	P T R	I V C L	P S G	
A S G G	. H L	P H E	. S A	Y P Q E	
H Q V	G N T	S H T N	S L P	T L R	
AATATTTTTT	GTCTGTGGTA	CCTCAGCTTA	TCATTGTTTG	AATGGCTCTT	850
I F F	V C G T	S A Y	H C L	N G S S	
Y F L	S V V	P Q P I	I V	. M A L	
N I F C	L W Y	L S L	S L F E	W L F	
CAGAACTAT	GIGCTTCCTC	TCATTCTTAG	TGCCCTAT	GACCATCTAC	900
E S M	C F L	S F L V	P P M	T I Y	
Q N L C	A S S	H S	. C P L	. P S T	
R I Y	V L P L	I L S	A P Y	D H L H	
ACTGAACAAG	ATTTATACAA	TCATGTGCGTA	CCTAAGCCCC	ACAACAAAAG	950
T E Q D	L Y N	H V V	P K P H	N K R	
L N K	I Y T I	M S Y	L S P	T T K E	
. T R	F I Q	S C R T	. A P	Q Q K	
AGTACCCATT	CTTCCTTTTG	TTATCAGAGC	AGGAGTGCTA	GGCAGACTAG	1000
V P I	L P F V	I R A	G V L	G R L G	
Y P F	F L L	L S E Q	E C	. A D .	
S T H S	S F C	Y Q S	R S A R	Q T R	
GTACTGGCAT	TGGCAGTATC	ACAACCTCTA	CTCAGTCTTA	CTACAAACTA	1050
T G I	G S I	T T S T	Q F Y	Y K L	
V L A L	A V S	Q P L	L S S T	T N Y	
Y W H	W Q Y H	N L Y	S V L	L Q T I	

7/27

FIG 4 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
TCTCAAGAAA	TAAATGGTGA	CATGGAACAG	GTCAGTGACT	CCCTGGTCAC	1100
S Q E I	N G D M E Q	V T D S	L V T		
L K K .	M V T W N R	S L T P W S P			
S R N K W .	H G T G H .	L P G H			
CITGCAAGAT	CAACTTAAC	CCCTAGCAGC	AGTAGTCCTT	CAAAATCGAA	1150
L Q D Q L N S	L A A V V L	Q N R R			
C K I N L T P .	Q Q . S F	K I E			
L A R S T . L	P S S S S P S	K S K			
GAGCTTTAGA	CITGCTAAC	GCCAAAAGAG	GGGGAACTG	TTTATTTTA	1200
A L D L L T A	K R G G T C	L F L			
E L . T C . P	P K E G E P V	Y F .			
S F R L A N R Q	K R G N L F	I F R			
GGAGAAGAAC	GCTGTATT	TGTTAACCAA	TCCAGAATTG	TCACTGAGAA	1250
G E E R C Y Y	V N Q S R I V	T E K			
E K N A V I M L	I N P E L S L R K				
R R T L L L C .	S I Q N C H .	E			
AGTTAAAGAA	ATTOGAGATC	GAATAACAATG	TAGAGCAGAG	GAGCTTCAAA	1300
V K E I R D R I	Q C R A E E	L Q N			
L K K F E I E	Y N V E Q R	S F K			
S . R N S R S N	T M . S R G A	S K			
ACACCGAACG	CTGGGGCCTC	CTCAGCCAAT	GGATGCCCTG	GGTCTCCOC	1350
T E R W G L L	S Q W M P W	V L P			
T P N A G A S S	A N G C P G	F S P			
H R T L G P P Q	P M D A L G S P L				
TTCTTAGGAC	CTCTAGCAGC	TCTAATATTG	TTACTCCTCT	TTGGACCCCTG	1400
F L G P L A A L	I L L L L F	G P C			
S . D L . Q L .	Y C Y S S L	D P V			
L R T S S S S N	I V T P L W T L				

8/27

FIG 4 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
TATCTTAAC	CTCCCTGTTA	AGTTTGTCTC	TTCCAGAAATT	GAAGCTGTAA	1450
I F N	L L V K	F V S	S R I	E A V K	
S L T	S L L	S L S L	P E L	K L .	
Y L .	P P C .	V C L	F Q N .	S C K	
AGCTAACAGAT GGCTCTTACAA ATGGAACCCC A					1481
L Q M	V L Q	M E P			
S Y R W	S Y K	W N P			
A T D	G L T N	G T P			

9/27

FIG 5

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
TCAAAATCGA	AGAGCTTTAG	ACTTGCTAAC	CGCCAAAAGA	GGGGGAAACCT	50
S K S K	S F R	L A N	R Q K R	G N L	
Q N R	R A L D	L L T	A K R	G G T C	
K I E	E L .	T C .	P P K E	G E P	
					100
GTTTATTTTT	AGGGGAAGAA	TGCTGTTAGT	ATGTTAATCA	ATCTGGAATC	
F I F	R G R M	L L V	C . S	I W N H	
L F L	G E E	C C . Y	V N Q	S G I	
V Y F .	G K N	A V S	M L I N	L E S	
					150
ATTACTGAGA	AAGTTAAAGA	AATTGAGAT	CGAATATAAT	GTAGAGCCAGA	
Y . E S . R	N L R S	N I M . S R			
I T E K	V K E	I . D R I . C R A E			
L L R	K L K K	F E I	E Y N	V E Q R	
					200
GGACCTTCAA	AACACTGCAC	OCTGGGGCT	OCTCAGCCAA	TGGATGCOCT	
G P S K	H C T	L G P	P Q P M	D A L	
D L Q	N T A P	W G L	L S Q	W M P W	
T F K	T L H	P G A S	S A N	G C P	
					250
GGACTCTOOC	CTCTCTAGGA	CCTCTAGCAG	CTATAATATT	TTTACTCCTC	
D S P	L L R T	S S S	Y N I	F T P L	
T L P	F L G	P L A A	I I F	L L L	
G L S P	S . D L .	Q L .	Y F	Y S S	
					300
TTTGGACCT	GTATCTCAA	CTTCCTTGT	AAGTTTGTCT	CTTCCAGAAT	
W T L	Y L Q	L P C .	V C L	F Q N	
F G P C	I F N	F L V	K F V S	S R I	
L D P	V S S T	S L L	S L S	L P E L	
					350
TGAAGCTGTA	AAGCTACAAA	TAGTTCTTCA	AATGGAACCC	CAGATGCAGT	
. S C K	A T N	S S S	N G T P	D A V	
E A V	K L Q I	V L Q	M E P	Q M Q S	
K L .	S Y K .	F F K	W N P	R C S	

10/27

FIG 5 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
CCATGACTAA	AATCTACCGT	GGACCCCTGG	ACCGGCCTGC	TAGACTATGC	400
H D .	N L P W	T P G	P A C .	T M L	
M T K I Y R	G P L D	R P A	R L C		
P . L K S T V	D P W	T G L L	D Y A		
TCTGATGTTA	ATGACATTGA	AGTCACCCCT	CCCGAGGAAA	TCTCAACTGC	450
. C . . H .	S H P S	R G N	L N C		
S D V N D I E	V T P	P E E I	S T A		
L M L M T L K	S P L	P R K	S Q L H		
ACAAACCCCTA	CTACACTCCA	ATTCAGTAGG	AAGCAGTTAG	AGCAGITGTC	500
T T P T T L Q	F S R	K Q L E	Q L S		
Q P L L H S N	S V G	S S .	S S C Q		
N P Y Y T P I Q .	E A V R	A V V			
AGCCAACCTC	CCAAACAGTA	CTTGGTTTT	CCCTGTGAGA	GGGTGGACTG	550
A N L P N S T	W V F	L L R	G W T E		
P T S P T V	L G F S	C . E	G G L		
S Q P P Q Q Y	L G F	P V E R	V D .		
AGAGACAGGA	CTAGCTGGAT	TTCCTAGGCT	GACTAAGAAT	CCNAAGCCT	600
R Q D . L D F L G .	L R I	P K P			
R D R T S W I S . A D .	E S	X S L			
E T G L A G F P R L	T K N	P X A X			
ANCTGGGAAG	GTGACCGCAT	CCATCTTAA	ACATGGGCT	TGCAACTTAG	650
X W E G D R I H L .	T W G L	Q L S			
X G K V T A S I F K	H G A	C N L A			
L G R . P H P S L N	M G L	A T .			
CTCACACCOG	ACCAATCAGA	GAGCTCACTA	AAATGCTAAT	CAGGAAAAA	700
S H P T N Q R A H .	N A N	Q A K T			
H T R P I R E L T K	M L I	R Q K			
L T P D Q S E S S L	K C .	S G K N			

11/27

FIG 5 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
CAGGAGGTAA	AGCAATAGCC	AATCATCTAT	TGCCTGAGAG	CACAGCGGGA	750
G G K	A I A	N H L L	P E S	T A G	
Q E V K	Q . P	I I Y	C L R A	Q R E	
R R .	S N S Q	S S I	A . E	H S G K	
AGGACAAGGA	TTGGGATATA	AACTCAGGCA	TTCAAGCCAG	CAACAGCAAC	800
R T R I	G I .	T Q A	F K P A	T A T	
G Q G	L G Y K	L R H	S S Q	Q Q Q P	
D K D	W D I	N S G I	Q A S	N S N	
CCCCCTTGGG	TCGCCCTCCCA	TTGTATGGGA	GCTCTGTTT	CACTCTATT	850
P F G	S P P I	V W E	L C F	H S I S	
P L G	P L P	L Y G S	S V F	T L F	
P L W V	P S H	C M G	A L F S	L Y F	
CACTCTATT	AATCATGCAA	CTGCACTCTT	CTGGTCCGIG	TTTTTTATGG	900
L Y .	I M Q	L H S S	G P C	F L W	
H S I K	S C N	C T L	L V R V	F Y G	
T L L	N H A T	A L F	W S V	F F M A	
CTCAAGCTGA	GCTTTGTC	GCCTATCCACC	ACTGCTGTT	GCCACCGICA	950
L K L S	F C S	P S T	T A V C	H R H	
S S .	A F V R	H P P	L L F	A T V T	
Q A E	L L F	A I H H	C C L	P P S	
CAGACCCGCT	GCTGACTTCC	ATCCCTTGG	ATCCAGCAGA	GTGTCCACTG	1000
R P A	A D F H	P F G	S S R	V S T V	
D P L	L T S	I P L D	P A E	C P L	
Q T R C .	L P	S L W	I Q Q S	V H C	
TGCTCTGAT	CCAGCGAGGT	ACCCATTGCC	ACTCCCGATC	AGGCTAAAGG	1050
L L I	Q R G	T H C H	S R S	G . R	
C S .	S S E V	P I A	T P D Q	A K G	
A P D	P A R Y	P L P	L P I	R L K A	

12/27

FIG 5 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>
CITGCCATTG	TTCCTGGCATG	GCTAAGTGCC	TGGGTTCGTC	CTAATAGAAC	1100
L A I V	P A W	L S A	W V C P	N R T	
L P L	F L H G	. V P	G F V	L I E L	
C H C	S C M	A K C L	G L S	. . N	
TGAACACTGG	TCACTGGTT	CCATGGTCT	CTTCCATGAC	CCACGGCTTC	1150
E H W	S L G S	M V L	F H D	P R L L	
N T G	H W V	P W F S	S M T	H G F	
. T L V	T G F	H G S	L P	. P T A S	
TAATAGAGCT	ATAACACTCA	CCGCATGGCC	CAAGATTCCA	TTCCTGGTA	1200
I E L	. H S	P H G P	R F H	S L V	
. . S Y	N T H	R M A	Q D S I	P W Y	
N R A	I T L T	A W P	K I P	F L G I	
TCTGTGAGGC	CAAGAACCCC	AGGTCAAGAGA	ANGTGAGGCT	TGCCACCATT	1250
S V R P	R T P	G Q R X	. G L	P P F	
L . G	Q E P Q	V R E	X E A	C H H L	
C E A	K N P	R S E X	V R L	A T I	
TGGGAAGTGG	CCCAC TGCA	TTTGGTAGC	GGCCCCACAC	CATCTTGGGA	1300
G K W	P T A I	L V A	A H H	H L G S	
G S G	P L P	F W	. R P T T	I L G	
W E V A	H C H	F G S	G P P P	S W E	
GCTGTGGGAG	CAAGGATCC	CCAGTAAACA			1329
C G S	K D P	P V T			
A V G A	R I P	Q .			
L W E	Q G S P	S N			

13/27

FIG 6

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
CCTAGAACGT	ATTCTGGAGA	ATTCGGACCA	ATGTGACACT	CAGACCGCTAA	50
P R T Y	S G E	L G P M .	H S D A K		
L E R I L E N	W D Q	C D T	Q T L R		
. N V F W R	I G T N	V T L	R R .		
GAAAGAAAAG	ATTTATATTC	TTCCTGCAGTA	CGCGCTGGCC	ACAATATCCT	100
K E T I Y I L	L Q Y R L A	T I S S			
K K R F I F	F C S T	A W P Q Y P			
E R N D L Y S	S A V P P G H	N I L			
CTTCAAGGGA	GAGAAACCTG	GCTTCTGAG	GGAAGTATAA	ATTATAACAT	150
S R E R N L A S .	G K Y K L . H				
L Q G R E T W L P E	G S I N Y N I				
F K G E K P G F L R	E V . I I T S				
CATCTTACAG	CTAGACCTCT	TCTGTAGAAA	GGAGGGCAAA	TGGAGTGAAAG	200
H L T A R P L L . K	G G Q M E . S				
I L Q L D L F C R K	E G K W S E V				
S Y S . T S S V E R	R A N G V K				
TGCCATATGT	GCAAACCTTC	TTTTICATTAA	GAGACAACTC	ACAATTATGT	250
A I C A N F L F I K	R Q L T I M .				
P Y V Q T F F S L R	D N S Q L C				
C H M C K L S F H .	E T T H N Y V				
AAAAAGTGIG	GTTCATGCC	TACAGGAAGC	OCTCAGAGTC	CAACCTOCCIA	300
K V W F M P Y R K P	S E S T S L				
K K C G L C P T G S	P Q S P P P Y				
K S V V Y A L Q E A	L R V H L P T				
CCCCAGOGIC	CCCTCCCCGA	CTCCCTCCIC	AACAAATAAG	GACCCCCCTT	350
P Q R P L P D S F L	N . . G P P F				
P S V P S P T P S S	T N K D P P L				
P A S P P R L L P Q	L I R T P L				
TAACCCAAC	GGTCCAAAAG	GAGATAGACA	AAGGGTAAA	CAATGAACCA	400
N P N G P K G D R Q	R G K Q . T K				
T Q T V Q K E I D K	G V N N E P				
. P K R S K R R . T	K G . T M N Q				
AAGAGTGCGA	ATATTCGGCG	ATTATGCC	CTCCAGGAG	TGAGAGGAGG	450
E C Q Y S P I M P P	P S S E R R				
K S A N I P R L C P	L Q A V R G G				
R V P I F P D Y A P	S K Q . E E E				
AGAATTCCGC	CCAGCCAGAG	TGCTGTACC	TTTTTCCTCIC	TCAGACTTAA	500
R I R P S Q S A C T	F F S L R L K				
E F G P A R V P V P	F S L S D L K				
N S A Q P E C L Y L	F L S Q T .				

14/27

FIG 6 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
AGCAAATTAA	AATAGACCTA	GGTAAATTCT	CAGATAACCC	TGACGGCTAT	550
A N .	N R P R .	I L R .	P .	R L Y	
Q I K	I D L	G K F S	D N P	D G Y	
S K L K .	T .	V N S	Q I T L	T A I	
ATTGATGT TT	TACAAGGGTT	AGGACAATCC	TTTGATCTGA	CATGGAGAGA	600
. C F	T R V	R T I L .	S D M E R		
I D V L	Q G L	G Q S	F D L T	W R D	
L M F	Y K G .	D N P	L I .	H G E . I	
TATAATGTTA	CTACTAAATC	AGACACTAAC	CCCAAATGAG	AGAAGTGC CG	650
Y N V T	T K S	D T N	P K .	E K C R	
I M L	L L N Q	T L T	P N E	R S A A	
. C Y Y .	I R H .	P Q M R	E V P		
CTGTAAC TGC	AGCCCGAGAG	TTGGGAGTC	TTTGTATCT	CAGTCAGGCC	700
C N C	S P R V	W R S	L V S	Q S G Q	
V T A	A R E	F G D L	W Y L	S Q A	
L . L Q	P E S	L A I	F G I S	. V R P	
AACAATAGGA	TGACAACAGA	GGAAAGAAC A	ACTCCCCACAG	GCAGCCAGC	750
Q . D	D N R	G K N N	S H R	P A G	
N N R M	T T E	E R T	T P T G	Q Q A	
T I G .	Q Q R	K E Q	L P Q	A S R Q	
AGTTCCCA GT	GTAGACCC TC	AT TGGGACAC	AGAATCAGAA	CATGGAGATT	800
S S Q C	R P S	L G H	R I R T	W R L	
V P S	V D P H	W D T	E S E	H G D W	
F P V .	T L I G T Q	N Q N	M E I		
GGTCCACAA	ACATTTGCTA	ACTTGGGTGC	TAGAAGGACT	GAGGAAACT	850
V P Q	T F A N	L R A	R R T	E E N .	
C H K	H L L	T C V L	E G L	R K T	
G A T N	I C .	L A C .	K D .	G K L	
AGGAAGAAC C	CTATGAATTA	CTCAATGATG	TOCAC TATAA	CACAGGGAAA	900
E E A	Y E L	L N D V	H Y N	T G K	
R K K P	M N Y	S M M	S T I T	Q G K	
G R S L .	I T Q .	C P L .	H R E R		
CGAACAAAAT	CTTACTGCTT	TTC TGGACAG	ACTAAGGGAG	GCATTGAGGA	950
G R K S	Y C F	S G Q	T K G G	I E E	
E E N	L T A F	L D R	L R E A L R K		
K K I	L L L	F W T D .	G R H . G		
ACCATA CCTGTCACCT	CCTCTTATTG	AAGCCCAACT	AACTCTAAAG		1000
A Y L	P V T .	L Y .	R P T	N L K G	
H T S	L S P	D S I E	G Q L	I L K	
S I P P	C H L	T L L	K A N .	S . R	

FIG 6 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890
GATAAGTTTA	TCACTCAGTC	AGCTGCAGAC	ATTAGAAAAA	ACTTCAAAAG	1050
. V Y H S V S C R H	. K K L Q K				
D K F I T Q S A A D	I R K N F K S				
I S L S L S Q L Q T	L E K T S K V				
TCIGCCITAG	GGCGGGAGCA	GAACCTTAGAA	ACCCCTATTTA	ACTTGGCATC	1100
S A L G P E Q N L E	T L F N L A S				
L P . A R S R T . K	P Y L T W H P				
C L R P G A E L R N	P I . L G I				
CTCAGTTTT	TATAATAGAG	ATCAGGAGGA	GCAGGGGAAA	CGGGACAAAC	1150
S V F Y N R D Q E E	Q A K R D K R				
Q F F I I E I R R S	R R N G T N				
L S F L . . R S G G	A G E T G Q T				
CGGATAAAAAA	AAAAAGGGGG	GGTCCACTAC	TTTACGTCATG	GCCCTCAGGC	1200
D K K K R G G P L L	. S W P S G				
G I K K K G G V H Y	F S H G P Q A				
G . K K K G G S T T	L V M A L R Q				
AAGCAGACTT	TGGAGGCCTCT	GCAAAAGCGA	AAAGCTGGGC	AAATCAAATG	1250
K Q T L E A L Q K G	K A G Q I K C				
S R L W R L C K R E	K L G K S N A				
A D F G G S A K G K	S W A N Q M				
CTTAATAGGG	CTGGCTTCCA	GTGGGGCTTA	CAAGGACACT	TTAAAAAAAGA	1300
L I G L A S S A V Y	K D T L K K I				
. . G W L P V R S T	R T L . K R				
P N R A G F Q C G L	Q G H F K K D				
TTATCCAAGT	AGAAATAAGC	CGCCCCCTTG	TCATGCCCC	TTACGTCAG	1350
I Q V E I S R P L V	H A P Y V K				
L S K . K . A A P L	S M P L T S R				
Y P S R N K P P P C	P C P L R Q G				
GGAATCACTG	GAAGGCCAC	TGCCOCAGGG	GATGAAGATA	CTCTGAGTCA	1400
G I T G R P T A P G	D E D T L S Q				
E S L E G P L P Q G	M K I L . V R				
N H W K A H C P R G	. R Y S E S				
GAAGCCATTA	ACCAGATGAT	CCAGCACAG	GACTGAGGGT	GGGGGGGGCG	1450
K P L T R . S S S R	T E G A R G E				
S H . P D D P A A G	L R V P G A				
E A I N Q M I Q Q Q	D . G C P G R				
AGCGCCAGCC	CACTGCCATCA	CCCTCACAGA	CCCCGGGT	TGTTTGACCA	1500
R Q P M P S P S' Q S	P G Y V . P				
S A S P C H H P H R	A P G M F D H				
A P A H A I T L T E	P R V C L T I				

2765588

16/27

FIG 6 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
T	T	G	A	G	CCCA A
L	R	A			1511
		E	P		
		E	S	Q	

17/27

FIG 7

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
ATGGGCAGCA	GCCATCATCA	TCACTCATCAC	ACCAAGGGC	TGGTGCGCG	50
M G S S	H H H	H H H	S S G L	V P R	
CGGCAGCCAT	ATGGCTAGCA	TGACTGGTGG	ACACCAAATG	GGTCGGATCC	100
G S H	M A S M	T G G	Q Q M	G R I L	
TAGAACGTAT	TCTGGAGAAT	TGGGACCAAT	GTGACACTCA	GACGCTAAGA	150
E R I	L E N	W D Q C	D T Q	T L R	
AAGAAACGAT	TTATATTCTT	CTGGCAGTACC	GCCTGGCCAC	AATATCCTCT	200
K K R F	I F F	C S T	A W P Q	Y P L	
TCAAGGGAGA	GAACCTGGC	TTCCCTGAGGG	AACTATAAAAT	TATAACATCA	250
Q G R	E T W L	P E G	S I N	Y N I I	
TCTTACAGCT	AGACCTCTTC	TGTAGAAAGG	AGGGCAAATG	GAGTGAAGTG	300
L Q L	D L F	C R K E	G K W	S E V	
CCATAATGTC	AAACCTTCTT	TTCATTAAGA	GACAACTCAC	AATTATGAA	350
P Y V Q	T F F	S L R	D N S Q	L C K	
AAAGTGTGCGT	TTATGCCCTA	CAGGAAGCCC	TCAGAGTC	CCCTCCCTACC	400
K C G	L C P T	G S P	Q S P	P P Y P	
CCAGOGTCCCC	CTCCCCGACT	CCCTCCCTAA	CTAATAAGGA	CCCCCCTTAA	450
S V P	S P T	P S S T	N K D	P P L	
ACCCAAACGG	TCAAAAGGA	GATAGACAAA	CGGGTAAACA	ATGAACAAA	500
T Q T V	Q K E	I D K	G V N N	E P K	
GAGTGCCTAAT	ATCCCCGAT	TATGCCCTCT	CCAAGCAGTG	AGAGGAGGAG	550
S A N	I P R L	C P L	Q A V	R G G E	
AATTGCCCTC	AGCCAGAGTG	CCCTGACCTT	TTTCTCTCTC	AGACCTAAAG	600
F G P	A R V	P V P F	S L S	D L K	
CAAATTAAAA	TAGACCTAGG	TAAATTCTCA	GATAACCTG	ACGGCTATAT	650
Q I K I	D L G	K F S	D N P D	G Y I	
TGATGTTTTA	CAAGGGTAG	GACAATCTT	TGATCTGACA	TGGAGAGATA	700
D V L	Q G L G	Q S F	D L T	W R D I	
TAATGTTACT	ACTAAATCAG	ACACTAACCC	CAAATGAGAG	AAAGTGGCGCT	750
M L L	L N Q	T L T P	N E R	S A A	
GTAACTGCAG	CCGGAGAGTT	TGGGAGATCTT	TGGTATCTCA	GTCAGGCCAA	800
V T A A	R E F	G D L	W Y L S	Q A N	

FIG 7 (suite)

10	20	30	40	50		
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	<u>1234567890</u>	
CAATAGGATG	ACAACAGAGG	AAAGAACAAAC	TCCCCACAGGC	CAGCAGGCAG	850	
N R M	T T E E	R T T	P T G	Q Q A V		
TTC	CCAGTGT	AGACCCCTCAT	TGGGACACAG	AATCAGAACAA	TGGAGATGG	900
P S V	D P H	W D T E	S E H	G D W		
TGCCACAAAC	ATTGCTAAC	TTGGGTGCTA	GAAGGACTGA	GGAAAACCTAG	950	
C H K H	L L T	C V L	E G L R	K T R		
GAAGAAGCCT	ATGAATTACT	CAATGATGIC	CACTATAACA	CACGGAAAGG	1000	
K K P	M N Y S	M M S	T I T	Q G K E		
AAGAAAATCT	TACTGCTTTT	CTGGACAGAC	TAAGGGAGGC	ATTGAGGAAG	1050	
E N L	T A F	L D R L	R E A	L R K		
CATAACCCTCCC	TGTCAACCTGA	CCTCTATTGAA	GGCCAACCTAA	TCTTAAAGGA	1100	
H T S L	S P D	S I E	G Q L I	L K D		
TAAGTTTATC	ACTCAGTCAG	CTGGCAGACAT	TAGAAAAAAAC	TTCAAAAGTC	1150	
K F I	T Q S A	A D I	R K N	F K S L		
TGCCTTAAGCT	TGCGGCGGCA	CTCGAGCACCC	ACCACCCACCA	CCACTGAGAT	1200	
P K L	A A A	L E H H	H H H H	. D		
CGGGCTGCTA	ACAAAGCCCG	AAAGGAAGCT	GAGTGGCIN	GIGGONIA	1247	
P A A N	K A R	K E A	E L A X	G		

19/27

FIG 8

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
ATGGCTAGCA	TGACTGGTGG	ACAGCAAATG	GGTCGGATCC	TAGAAACGTAT	50
M A S M	T G G	Q Q M	G R I L	E R I	
TCIGGAGAAT	TGGGACCAAT	GTGACACTCA	GACGCTAAGA	AAGAAACGAT	100
L E N	W D Q C	D T Q	T L R	K K R F	
TTATATTCTT	CTGCAGTACC	GCCTGGCAC	AATAATCCCT	TCAAGGGAGA	150
I F F	C S T	A W P Q	Y P L	Q G R	
GAACCTGGC	TTCCCTGAGGG	AA GTATAAAAT	TATAACATCA	TCTTACAGCT	200
E T W L	P E G	S I N	Y N I I	L Q L	
AGA CCTCTTC	TGTAGAAAGG	AGGGCAAATG	GAGTGAAGTG	CCATATGIGC	250
D L F	C R K E	G K W	S E V	P Y V Q	
AAACCTTCIT	TTCATTAAGA	GACAACCTCAC	AATTATGTAA	AAAGTGTGGT	300
T F F	S L R	D N S Q	L C K	K C G	
TTATGCCCTA	CAGGAAGOC	TCAGAGI	OCA	CCAGOGT	350
L C P T	G S P	Q S P	P P Y P	S V P	
CTCCCCGACT	CCCTCTCAA	CTAATAAGGA	CCCCCCTTA	ACCCAAAOGG	400
S P T	P S S T	N K D	P P L	T Q T V	
TCCAAAAGGA	GATAGACAAA	GGGTAAACA	ATGAACAAA	GAGTGCCTAT	450
Q K E	I D K	G V N N	E P K	S A N	
ATCCCCGAT	TATGCCCOCT	CCAAGCAGTG	AGAGGAGGAG	AATTOGGCCC	500
I P R L	C P L	Q A V	R G G E	F G P	
AGCCAGAGTG	CCTGTACCTT	TTTCTCTCTC	AGACTTAAAG	CAAATAAAAA	550
A R V	P V P F	S L S	D L K	Q I K I	
TAGACCTAGG	TAAATCTCA	GATAACCTG	ACGGCTATAT	TGATGTTTA	600
D L G	K F S	D N P D	G Y I	D V L	
CAAGGGTAG	GACAATCCTT	TGATCTGACA	TGGAGAGATA	TAATGTTACT	650
Q G L G	Q S F	D L T	W R D I	M L L	
ACTAAATCAG	ACACTAACCC	CAAATGAGAG	AAGTCCCGCT	GTAAC TG CAG	700
L N Q	T L T P	N E R	S A A	V T A A	
CCCGAGAGIT	TGGCGATCTT	TGGTATCTCA	GTCAGGCCAA	CAATAGGATG	750
R E F	G D L	W Y L S	Q A N	N R M	
ACAACAGAGG	AAAGAACAAAC	TCACACAGGC	CAGCAGGCAG	TTCAGTG	800
T T E E	R T T	P T G	Q Q A V	P S V	

20/27

FIG 8 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
AGACCCCTCAT	TGGGACACAG	AATCAGAACCA	TGGAGATTGG	TGCCACAAAC	850
D P H	W D T E	S E H	G D W	C H K H	
ATTTGCTAAC	TTCGGTGCTA	GAAGGACTGTA	GGAAAACCTAG	GAAGAAGCCT	900
L L T	C V L	E G L R	K T R	K K P	
ATGAATTACT	CAATGATGTC	CACTATAACA	CAGGGAAAGG	AAGAAAATCT	950
M N Y S	M M S	T I T	Q G K E	E N L	
TACTGCTTTT	CTGGACAGAC	TAAGGGAGGC	ATTGAGGAAG	CATAACCTCCC	1000
T A F	L D R L	R E A	L R K	H T S L	
TGTCACCTGA	CCTCTATTGAA	GGCCAACCTAA	TCTTAAAGGA	TAAGTTTATC	1050
S P D	S I E	G Q L I	L K D	K F I	
ACTCAGTCAG	CTGCAGACAT	TAGAAAAAAC	TTCAAAAGTC	TGCGCTAACGCT	1100
T Q S A	A D I	R K N	F K S L	P K L	
TGGGGCCGCA	CTGGAGGACC	ACCAACCA	CCACTGAGAT	CGGGCTGCTA	1150
A A A	L E H H	H H H H .	D P A A N		
ACAAAGCCCG	AAAGGAAGCT	GAGTGGCTG	GTGGCA		1186
K A R	K E A	E L A G	G		

FIG 9

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
TGTCGGCTGT	GCTCCCTGATC	CAGCACAGGC	GCCCCATTGCC	TCTCCCAATT	50
C P L C S .	S S T G A H C L	S Q L			
V R C A P D P	A Q A P I A	S P N W			
S A V L L I	Q H R R P L P	L P I			
GGGCTAAAGG	CTTGGCCATTG	TTCCTTGACACA	GCTAAGTGCC	TGGGTTTCATC	100
G . R L A I V	P A Q L S A	W V H P			
A K G L P L	F L H S .	V P G F I			
G L K A C H C	S C T A K C L	G S S			
CTAACCGAGC	TGAACACTAG	TCACCTGGGT	CCACGGTTCT	CTTCCATGAC	150
N R A E H .	S L G S T V L	F H D			
L I E L N T S	H W V P R F S	S M T			
. S S . T L V	T G F H G S	L P . P			
CCATGGCTTC	TAATAAGAGCT	ATAACACTCA	CTGCATGGTC	CAAGATTCCA	200
P W L L I E L .	H S L H G P R F H				
H G F . . S Y	N T H C M V Q D S I				
M A S N R A I T L T	A W S K I P				
TTCCTTGGAA	TCGGTGAGAC	CAAGAACCCC	AGGTCAAGAGA	ACACAAGGCT	250
S L E S V R P	R T P G Q R T Q G L				
P W N P . D	Q E P Q V R E H K A				
F L G I R E T	K N P R S E N T R L				
TGCCACCATG	TTGGAAGCAG	CCCACCA	TTTGGAAAGC	AGCCCGGCCAC	300
P P C W K Q	P T T I L E A A R H				
C H H V G S S	P P P F W K Q P A T				
A T M L E A A	H H H F G S S P P L				
TATCTTGGGA	GCTCTGGAG	CAAGGACCCC	AGGTAAACAAT	TTGGTGACCA	350
Y L G S S G S	K D P R . Q F G D H				
I L G A L G A	R T P G N N L V T T				
S W E L W E	Q G P Q V T I W . P				
CGAAGGGACC	TGAATCCGCA	ACCATGAAGG	GATCTCCAAA	GCAATTGGAA	400
E G T . I R N	H E G I S K A I G N				
K G P E S A	T M K G S P K Q L E				
R R D L N P Q	P . R D L Q S N W K				

22/27

FIG 9 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890
ATGTTCTCC	CAAGGCCAAA	ATGCCCTAA	GATGTATTCT	GGAGAATTGG	450
V P P	K A K	M P L R	C I L E N W		
M F L P	R Q K	C P .	D V F W R I G		
C S S	Q G K N	A P K	M Y S G E L G		
GACCAATTG	ACCCTCAGAC	AGTAAGAAAA	AAATGACTTA	TATTCTTCTG	500
D Q F D	P Q T	V R K K .	L I F F C		
T N L	T L R Q .	E K N D L	Y S S A		
P I .	P S D	S K K K	M T Y I L L		
CAGTACCGCC	CTGGOCACGA	TATCCTCTTC	AAGGGGGAGA	AACTGGCCT	550
S T A	L A T I	S S S	R G R	N L A S	
V P P	W P R	Y P L Q	G G E	T W P	
Q Y R P	G H D	I L F	K G E K	P G L	
CCTGAGGGAA	GTATAAATT	TAACACCATC	TTACAGCTAG	ACCTGTTTG	600
. G K	Y K L	. H H L	T A R	P V L	
P E G S	I N Y	N T I	L Q L D	L F C	
L R E V .	I I	T P S	Y S .	T C F V	
TAGAAAAGGA	GGCAAATGGA	GIGAAGTCCC	ATATTTACAA	ACTTTCTTT	650
. K R R	Q M E	. S A I F T N	F L F		
R K G	G K W S	E V P	Y L Q	T F F S	
E K E	A N G	V K C H	I Y K	L S F	
CATTAAGA	CAACTCGCAA	TTATGTAAC	AGTGIGATT	GTGTTCTCAC	700
I K R	Q L A I	M L T V .	F V F L H		
L K D	N S Q	L C .	Q C D L	C S Y	
H .	K T T R N	Y V N	S V I C	V P T	
ACGGAAAGCCC	TCAGATTCTA	CTCCCCACCC	CCGGCATCTC	CCCTGAATCC	750
G S P	Q I L	L P T P	G I S	P E S	
T E A L	R F Y	S P P	P A S P	L N P	
R K P	S D S T	P H P	R H L	P . I P	
CTCCCCAACT	TATT				764
L P N L					
S P T Y					
P Q L I					

FIG 10

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
TGTCGGCTGT	GCTCCTGATC	CAGCACAGGC	GCACATTGCC	TCTCCCAATT	50
C P L C S . S	S T G A H C L	S Q L			
V R C A P D P	A Q A P I A	S P N W			
S A V L L I	Q H R R P L P	L P I			
GGGCTAAAGG	CTTGCATIG	TTCCTGCACA	GCTAAGTGCC	TGGGTTCATC	100
G . R L A I V	P A Q L S A	W V H P			
A K G L P L	F L H S . V P	G F I			
G L K A C H C	S C T A K C L	G S S			
CTAACGAGC	TGAACACTAG	TCACTGGIT	CCACGGTCT	CTTCCATGAC	150
N R A E H .	S L G S T V L	F H D			
L I E L N T S	H W V P R F S	S M T			
. S S . T L V	T G F H G S	L P . P			
CCATGGCTTC	TAATAGAGCT	ATAACACTICA	CIGCATGGTC	CAAGATTCCA	200
P W L L I E L .	H S L H G P R F H				
H G F . . S Y	N T H C M V Q D S I				
M A S N R A I T L T	A W S K I P				
TTCCTGGAA	TCGGTGGAGAC	CAAGAACCCC	AGGTCAAGAGA	ACACAAGGCT	250
S L E S V R P	R T P G Q R	T Q G L			
P W N P . D Q E P Q	V R E H K A				
F L G I R E T	K N P R S E N	T R L			
TGCCACCATG	TTGGAAGCAG	CCCACCA	TTTGGAAAGC	GGCCCGGCCAC	300
P P C W K Q	P T T I L E A	A R H			
C H H V G S S	P P P F W K R	P A T			
A T M L E A A	H H H F G S	G P P L			
TATCTGGGA	GCTCTGGAG	CAAGGACCCC	CAGGTAAACAA	TTTGGTGAC	350
Y L G S S G S	K D P Q V T I	W . P			
I L G A L G A	R T P R . Q	F G D H			
S W E L W E	Q G P P G N N	L V T			
ACGAAGGGAC	CTGAATCGGC	AACCATGAAG	GGATCTCCAA	AGCAATTGGA	400
R R D L N P Q	P . R D L Q	S N W K			
E G T . I R N H E G	I S K A I G				
T K G P E S A	T M K G S P K	Q L E			

FIG 10 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	<u>1234567890</u>	
AATGTTCCCTC	CCAAGGCAAA	AATGCCCTA	AGATGTATTIC	TGGAGAATTG	450
C S S	Q G K	N A P K	M Y S	G E L	
N V P P	K A K	M P L	R C I L	E N W	
M F L	P R Q K	C P .	D V F	W R I G	
GGACCAATCT	GACCTTCAGA	CAGTAAGAAA	AAAAATGACT	TATATTCTTC	500
G P I .	P S D	S K K	K N D L	Y S S	
D Q S	D P Q T	V R K	K M T	Y I L L	
T N L	T L R	Q . E K	K . L	I F F	
TGCA GTACCG	CCTGGCCACG	GATA TCTCT	TCAAGGGGA	GAAACCTGGC	550
A V P	P G H G	Y P L	Q G G	E T W P	
Q Y R	L A T	D I L F	K G E	K P G	
C S T A	W P R	I S S	S R G R	N L A	
CTCTTGAGGG	AAGTATAAAAT	TATAACACCA	TCTTACAGCT	AGACCTGTTT	600
P E G	S I N	Y N T I	L Q L	D L F	
L L R E	V . I	I T P	S Y S .	T C F	
S . G	K Y K L	. H H	L T A	R P V L	
TGTAGAAAAG	GAGGCAAATG	GAGTGAAGTG	CCATATTAC	AAACTTCTT	650
C R K G	G K W	S E V	P Y L Q	T F F	
V E K	E A N G	V K C	H I Y	K L S F	
. K R	R Q M	E . S A	I F T	N F L	
TTCATTTAAA	GACA ACTCGC	AATTATGTAA	ACAGTGTGAT	TTGTGTCCIA	700
S L K	D N S Q	L C K	Q C D	L C P T	
H . K	T T R	N Y V N	S V I	C V L	
F I K R	Q L A I M .	T V . F	V S Y		
CAGGAAGCCC	TCAGATCTAC	CTCCCTACCC	CGGCATCTCC	CTGACTCCIT	750
G S P	Q I Y	L P T P	A S P .	L L	
Q E A L	R S T	S L P	R H L P	D S F	
R K P	S D L P	P Y P	G I S	L T P S	
CCCCAACTAA	TAAGGACCCA	CTTCAGGCCA	AACAGTCCAA	AAGGACATAG	800
P Q L I	R T H	F S P	N S P K	G H	
P N . .	G P T	S A Q	T V Q	K D I	
P T N	K D P	L Q P K	Q S K	R T .	

FIG 11

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
GGCATTGATA	GCACCCATCA	GATGGCCAAA	TCATTATTTA	CTGGACCAGG	50
G I D S	T H Q	M A K	S L F T	G P G	
A L I	A P I R	W P N	H Y L	L D Q A	
H . .	H P S	D G Q I	I I Y	W T R	
CCTTTTCAA	ACTATCAAGC	AGATAAGGCC	CGTGAAGCAT	GCCAAAGAAA	100
L F K	T I K Q	I G P	V K H	A K E I	
F S K	L S S R	. G P	. S M	P K K	
P F Q N	Y Q A	D R A	R E A C	Q R N	
TAATCCCCTG	CCTTATGCC	ATGTTCCTTC	AGGAGAACAA	AGAACAGGCC	150
I P C	L I A	M F L Q	E N K	E Q A	
. S P A	L S P	C S F	R R T K	N R P	
N P L	P Y R H	V P S	G E Q	R T G H	
ATTACCCAGG	GGAAGACTGG	CAACTAGATT	TTACCCACAT	GGCCAAATGT	200
I T Q G	K T G N	. I	L P T W	P N V	
L P R	G R L A	T R F	Y P H	G Q M S	
Y P G	E D W	Q L D F	T H M	A K C	
CAGGGATTTC	ACCATCTACT	AGCTCTGGCA	GATACTTCA	CTGGTCTGGGT	250
R D F	S I Y	. S G Q	I L S	L V G W	
G I S	A S T	S L G R	Y F H	W L G	
Q G F Q	H L L	V W A	D T F T	G W V	
GGAGCTTCT	CCTTGTAGGA	CAGAAAAGAC	CCAAGAGGTA	ATAAAGGCAC	300
S L L	L V G	Q K R P	K R	. R H	
G V F S	L	. D R K D	P R G N	K G T	
E S S	P C R T	E K T	Q E V	I K A L	
TAATGAAATA	ATTCCAGAT	TTGGACTTCC	COCAAGGATTA	CAGGGTGACA	350
. . N N	S Q I	W T S	P R I T	G . Q	
N E I	I P R F	G L P	P G L	Q G D N	
M K .	F P D	L D F P	Q D Y	R V T	

FIG 11 (suite)

10	20	30	40	50	
<u>1234567890</u>					<u>1234567890</u>
<u>1234567890</u>					<u>1234567890</u>
<u>1234567890</u>					<u>1234567890</u>
<u>1234567890</u>					<u>1234567890</u>
					400
ATGGCCCCGC	TTTCAAGGCT	GCAGTAACCC	AGGGAGTATC	CCAGGTGTTA	
W P R	F Q G C	S N P	G S I	P G V R	
G P A	F K A	A V T Q	G V S	Q V L	
M A P L	S R L	Q . P	R E Y P	R C .	
					450
GGCATACAAT	ATCACCTACA	CTGTGCCTGG	AGGCCACAAT	CCTCCAGAAA	
H T I	S L T	L C L E	A T I	L Q K	
G I Q Y	H L H	C A W	R P Q S	S R K	
A Y N	I T Y T	V P G	G H N	P P E K	
					500
AGTCAAGAAA	ATGAATGAAA	CACTCAAAGA	TCTAAAAAAG	CTAACCCAAG	
S Q E N E .	N T Q R	S K K A	N P R		
V K K	M N E T	L K D	L K K	L T Q E	
S R K .	M K	H S K I .	K S .	P K	
					550
AAACCCACAT	TGCATGACCT	GTTCCTGTGC	CTATAACCTT	ACTAAGAAC	
N P H	C M T C	S V A	Y N L	T K N P	
T H I A .	P V L L P	I T L	L R I		
K P T L	H D L	F C C L .	P Y .	E S	
					600
CATAACTATC	CCCCAAAAAG	CAGGACTTAG	CCCATACGAG	ATGCTATATG	
. L S	P K K	Q D L A	H T R	C Y M	
H N Y P	P K S	R T .	P I R D	A I W	
I T I	P Q K A	G L S	P Y E	M L Y G	
					650
GATGGCTTT	CCTAACCAAT	GACCTTGTC	TTGACTGAGA	AATGGCCAAC	
D G L S .	P M	T L C	L T E K	W P T	
M A F	P N Q .	P C A .	L R	N G Q L	
W P F	L T N	D L V L	D . E	M A N	
					700
TTAGTTGCAG	ACATCACCTC	CTTAGCCAAA	TATCAACAAG	TTCTTAAAC	
. L Q	T S P P .	P N	I N K	F L K H	
S C R	H H L	L S Q I	S T S	S . N	
L V A D	I T S	L A K	Y Q Q V	L K T	

FIG 11 (suite)

10	20	30	40	50	
1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	
ATCACAGGGA	ACCTGTCCCC	GAGAGGAGGG	AAAGGAACTA	TTCCACCCIG	750
H R E	P V P	E R R E	R N Y	S T L	
I T G N	L S P	R G G	K G T I	P P W	
S Q G	T C P R	E E G	K E L	F H P G	
GIGACATG					758
V T					
.	H				
D M					

INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE

RAPPORT DE RECHERCHE
PRELIMINAIRE

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
nationalFA 544515
FR 9708816

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		Revendications concernées de la demande examinée
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	
X	DATABASE EMBLEMEST11 SEQ ID HSZZ32436 AC AA327384 EST30710 Colon I Homo sapiens cDNA 5', 18 avril 1997 M.D. ADAMS ET AL.: "Initial assessment of human gene diversity and expression patterns based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence" XP002059257 & NATURE., vol. 377supp, 28 septembre 1995, pages 3-174, LONDON GB --- FR 2 737 500 A (BIO MERIEUX S.A.) 7 février 1997 * le document en entier * ---	1, 2, 14-20
D, X	WO 95 21256 A (BIO MERIEUX S.A.) 10 août 1995 * le document en entier * ---	1-3, 5, 13-20, 22-26
D, X	G. LA MANTIA ET AL.: "Identification and characterization of novel human endogenous retroviral sequences preferentially expressed in undifferentiated embryonal carcinoma cells" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 19, no. 7, 1991, pages 1513-1520, XP002059255 OXFORD GB * le document en entier * ---	1-3, 5, 13-20, 22-26
X		DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHES (Int.CL.6)
		C12N C07K C12Q A61K
2	Date d'achèvement de la recherche 6 octobre 1998	Examinateur Cupido, M
CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES		T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant
X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : pertinent à l'encontre d'au moins une revendication ou arrière-plan technologique général O : divulgation non écrite P : document intercalaire		

INSTITUT NATIONAL
de la
PROPRIETE INDUSTRIELLE

RAPPORT DE RECHERCHE
PRELIMINAIRE

établi sur la base des dernières revendications
déposées avant le commencement de la recherche

N° d'enregistrement
nationalFA 544515
FR 9708816

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		Revendications concernées de la demande examinée
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	
T	H. PERRON ET AL.: "Molecular identification of a novel retrovirus repeatedly isolated from patients with multiple sclerosis" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, vol. 94, no. 14, 8 juillet 1997, pages 7538-7588, XP002059256 WASHINGTON US * le document en entier *	1-3, 5, 13-20, 22-26
A	WO 94 28138 A (UNIVERSITY COLLEGE LONDON) 8 décembre 1994 * le document en entier *	1-3, 5, 13-20, 22-26
A	WO 93 07259 A (SCLEROSE-FORENINGEN) 15 avril 1993 * le document en entier *	1-3, 5, 13-20, 22-26
		DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHES (Int.CL.6)
2	Date d'achèvement de la recherche 6 octobre 1998	Examinateur Cupido, M
CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : pertinent à l'encontre d'au moins une revendication ou arrière-plan technologique général O : divulgation non-écrite P : document intercalaire		
T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet bénéficiant d'une date antérieure à la date de dépôt et qui n'a été publié qu'à cette date de dépôt ou qu'à une date postérieure. D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant		